

(12) DEMANDE INTERNATIONALE PUBLIÉE EN VERTU DU TRAITÉ DE COOPÉRATION
EN MATIÈRE DE BREVETS (PCT)

(19) Organisation Mondiale de la Propriété
Intellectuelle
Bureau international



(43) Date de la publication internationale
26 juillet 2001 (26.07.2001)

PCT

(10) Numéro de publication internationale
WO 01/52888 A2

(51) Classification internationale des brevets⁷ :

A61K 39/39

(74) Mandataire : JACOBSON, Claude; Cabinet Lavoix, 2,
place d'Estienne d'Orves, F-75441 Paris Cedex 09 (FR).

(21) Numéro de la demande internationale :

PCT/FR01/00187

(81) États désignés (national) : AE, AG, AL, AM, AT, AU, AZ,
BA, BB, BG, BR, BY, BZ, CA, CH, CN, CR, CU, CZ, DE,
DK, DM, DZ, EE, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU,
ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS,
LT, LU, LV, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX, MZ, NO,
NZ, PL, PT, RO, RU, SD, SE, SG, SI, SK, SL, TJ, TM, TR,
TT, TZ, UA, UG, UZ, VN, YU, ZA, ZW.

(22) Date de dépôt international :

19 janvier 2001 (19.01.2001)

(25) Langue de dépôt :

français

(26) Langue de publication :

français

(30) Données relatives à la priorité :

00/00798

21 janvier 2000 (21.01.2000) FR

(84) États désignés (régional) : brevet ARIPO (GH, GM, KE,
LS, MW, MZ, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZW), brevet eurasien
(AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), brevet européen
(AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU,
MC, NL, PT, SE, TR), brevet OAPI (BF, BJ, CF, CG, CI,
CM, GA, GN, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

(71) Déposant : MERIAL [FR/FR]; 17, rue Bourgelat,
F-69002 Lyon (FR).

Publiée :

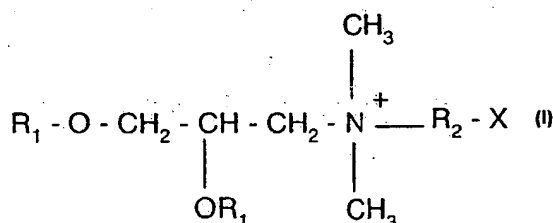
— sans rapport de recherche internationale, sera republiée
dès réception de ce rapport

(72) Inventeurs: AUDONNET, Jean-Christophe, Francis;
119, rue de Créqui, F-69006 Lyon (FR). FISCHER,
Laurent, Bernard; 3ter rue Saint Gervais, F-69008 Lyon
(FR). BARZU-LE-ROUX, Simona; 461 route de Saint
Bel, F-69210 Lentilly (FR).

En ce qui concerne les codes à deux lettres et autres abrévia-
tions, se référer aux "Notes explicatives relatives aux codes et
abréviations" figurant au début de chaque numéro ordinaire de
la Gazette du PCT.

(54) Title: IMPROVED DNA VACCINES FOR PRODUCTION-TYPE ANIMALS

(54) Titre : VACCINS ADN AMELIORES POUR ANIMAUX DE RENTE



is another aliphatic radical, containing 2 or 3 carbon atoms; and X is a hydroxyl or amine group, said lipid being preferably DMRIE.

(57) Abstract: The invention concerns a DNA vaccine
against a pathogen affecting production-type animals, in
particular cattle and swine, comprising a plasmid containing
a nucleotide sequence coding for an immunogen of a
pathogen of the animal species concerned, in conditions
enabling the expression *in vivo* of said sequence, and a
cationic lipid containing a quaternary ammonium salt,
of formula (I) wherein: R₁ is a linear aliphatic radical,
saturated or unsaturated, having 12 to 18 carbon atoms; R₂

(57) Abrégé : Vaccin AND contre un pathogène touchant les animaux de rente, notamment les bovins ou les porcins, comprenant un plasmide contenant une séquence nucléotidique codant pour un immunogène d'un pathogène de l'espèce animale considérée, dans des conditions permettant l'expression *in vivo* de cette séquence, et un lipide cationique contenant un sel d'ammonium quaternaire, de formule (I) dans laquelle R₁ est un radical aliphatique linéaire, saturé ou insaturé, ayant 12 à 18 atomes de carbone, R₂ est un autre radical aliphatique, renfermant 2 ou 3 atomes de carbone, et X un groupement hydroxyle ou amine, ce lipide étant de préférence le DMRIE.

WO 01/52888 A2

Vaccins ADN améliorés pour animaux de rente.

La présente invention a trait à des vaccins ADN améliorés pour les animaux de rente, en particulier bovins et porcins.

L'utilisation de molécules d'acide désoxyribonucléique (ADN) pour la vaccination est connue depuis le début des années 90 (Wolf *et al.* Science 1990. 247. 1465-1468). Cette technique de vaccination induit une immunité cellulaire et humorale après la transfection *in vivo* de cellules du sujet à vacciner par des molécules d'ADN ou d'ARN codant pour des protéines immunologiquement actives.

Un vaccin ADN se compose d'au moins un plasmide pouvant être exprimé par la machinerie cellulaire du sujet à vacciner et d'un véhicule ou d'un excipient pharmaceutiquement acceptable. La séquence nucléotidique de ce plasmide code pour, entre autres, un ou plusieurs immunogènes, tels que des protéines ou glycoprotéines capables d'induire, chez le sujet à vacciner, une réponse immunitaire cellulaire (mobilisation des lymphocytes T) et humorale (stimulation de la production d'anticorps spécifiquement dirigés contre l'immunogène) (Davis H. L. Current Opinion Biotech. 1997. 8. 635-640).

Tous les immunogènes provenant d'un pathogène ne sont pas des antigènes assez efficaces naturellement pour induire une réponse immunitaire protectrice optimale chez l'animal à vacciner. Il est donc nécessaire d'améliorer la réponse immunitaire.

Différentes voies d'administration du vaccin ADN sont proposées (intrapéritonéale, intraveineuse, intramusculaire, sous-cutanée, intradermique, muqueuse, etc.). Différents moyens d'administration ont également été proposés, notamment des particules d'or enrobées d'ADN et projetées de façon à pénétrer dans les cellules de la peau du sujet à vacciner (Tang *et al.* Nature 1992. 356. 152-154) et les injecteurs par jet liquide permettant de transférer à la fois des cellules de la peau et des cellules des tissus sous-jacents (Furth *et al.* Analytical Bioch. 1992. 205. 365-368).

Des composés chimiques ont été utilisés pour la transfection *in vitro* d'ADN :

A/ - les lipides cationiques.

Les lipides cationiques sont eux-mêmes divisés en quatre sous-groupes.

- 1) les lipides cationiques contenant des sels d'ammonium quaternaire, comme par exemple le DOTMA (dioléoyloxypropyl-triméthylammonium, produit par Gibco sous le nom de Lipofectine), le DOTAP (triméthyl-2,3-(octadéc-9-ène-oyloxy)-1-propanammonium ; Gregoriadis *et al.* FEBS Letters 1997. **402**. 107-110), le DMRIE (N-(2-hydroxyéthyl)-N,N-diméthyl-2,3-bis(tétradécyloxy)-1-propanaminium ; WO-A-9634109), le DLRIE (N-(2-hydroxyéthyl)-N,N-diméthyl-2,3-bis(dodécyloxy)-1-propanaminium ; Felgner *et al.* Ann. N Y Acad. Sci. 1995. **772**. 126-139).
- 10 Ces lipides cationiques contenant des sels d'ammonium quaternaire peuvent être associés ou non avec un lipide neutre supplémentaire, tel que le DOPC (dioléoyl-phosphatidyl-choline) ou le DOPE (dioléoyl-phosphatidyl-éthanolamine) (J.P. Behr, Bioconjugate Chemistry 1994. **5**. 382-389).
- 2) les lipoamines, comme par exemple le DOGS (dioctadécylamidoglycylspermine, produit par Promega sous le nom de Transfectam ; Abdallah *et al.* Biol. Cell. 1995. **85**. 1-7), le DC-Chol (diméthylaminoéthane-carbamoyl-cholestérol ; Gao et Huang, Biochem. Biophys. Res. Commun. 1991. **179**. 280-285), le BGSC (bis-guanidine-spermidine-cholestérol), le BGTC (bis-guanidine-tren-cholestérol) (Vigneron *et al.* Proc. Natl. Acad. Sci. USA 1996. **93**. 9682-9686).
- 20 3) les lipides cationiques contenant des sels d'ammonium quaternaire et des lipoamines, comme par exemple le DOSPA (N,N-diméthyl-N-(2-(sperminecarboxamido)éthyl)-2,3-bis(dioléoyloxy)-1-propanimidium pentahydrochloride, commercialisé par Gibco sous le nom de LipofectAmine® ; Hawley-Nelson *et al.* Focus 1993. **15**. 73-79), le GAP-DLRIE (N-(3-aminopropyl)-N,N-diméthyl-2,3-bis(dodécyloxy)-1-propanaminium ; Wheeler *et al.* Proc. Natl. Acad. Sci. USA 1996. **93**. 11454-11459 ; Norman *et al.* Vaccine 1997. **15**. 801-803).
- 4) les lipides contenant des sels d'amidine, comme par exemple l'ADPDE, 30 l'ADODE (Ruysschaert *et al.* Biochem. Biophys. Res. Commun. 1994. **203**. 1622-1628).

B/ - les polymères, comme par exemple le SuperFect™ (molécules de dendrimères activés, produits par Qiagen ; Xu *et al.* Mol. Genet. Metab. 1998. 64. 193-197), et

5 C/ - les agents biochimiques, comme par exemple les toxines, notamment les toxines cholériques.

Certains de ces composés ont aussi été utilisés dans la formulation de vaccins ADN avec des résultats plus que mitigés. Les connaissances en matière de transfection *in vitro* ne sont pas transposables à la vaccination ADN où l'objectif final est d'assurer une réaction immunitaire protectrice. Des effets
10 négatifs sur l'induction d'une protection immunitaire efficace ont même été constatés avec des composés connus pour favoriser la transfection *in vitro*. Certains composés chimiques de formulation sont toxiques à hautes doses pour les cellules transfectées.

Dans les travaux de Etchart (Etchart *et al.* J. Gen. Virol. 1997. 78. 1577-
15 1580), l'utilisation du DOTAP n'a pas eu d'effet adjuvant lors de l'administration du vaccin ADN par la voie intranasale, alors qu'il en a eu par la voie orale. Le DOTAP a également été utilisé dans des vaccins ADN codant pour l'hémagglutinine (HA) du virus de la grippe sur le modèle souris administrés par la voie intranasale (Ban *et al.* Vaccine 1997. 15. 811-813), mais l'addition de
20 DOTAP a inhibé la réponse immunitaire. L'utilisation de DC-Chol ou de DOTAP/DOPE dans des vaccins ADN codant pour la protéine de surface (S) du virus de l'hépatite B sur le modèle souris administrés par la voie intramusculaire a permis d'augmenter la réponse en anticorps, alors que l'utilisation de la Lipofectine (ou DOTMA) n'a pas augmenté cette réponse (Gregoriadis *et al.*
25 FEBS Letters 1997. 402. 107-110). Le DC-Chol/DOPE a également été utilisé dans des vaccins ADN contre le virus de l'immunodéficience humaine (HIV, protéine Env) sur le modèle souris, dont l'administration par la voie intramusculaire a induit une réponse immunitaire plus efficace, alors que l'administration par la voie sous-cutanée ou intradermique ne l'a pas augmentée
30 (Ishii *et al.* AIDS Res. Hum. Retro. 1997. 13. 1421-1428).

L'addition de certaines cytokines, notamment d'interleukines ou d'interférons, peut permettre d'améliorer la réponse immunitaire induite en particulier par les vaccins ADN. Chaque cytokine déclenche une réaction qui lui est propre et oriente plus ou moins la réponse immunitaire vers une réponse
5 cellulaire ou vers une réponse humorale (Pasquini *et al.* Immunol. Cell. Biol. 1997. 75. 397-401 ; Kim *et al.* J. Interferon Cytokine Res. 1999. 19. 77-84). Les effets adjuvants d'une cytokine provenant d'une espèce donnée ne sont pas nécessairement les mêmes si le contexte immunitaire varie, notamment si cette cytokine est administrée à une autre espèce, donc dans un système immunitaire
10 hétérologue. L'addition de cytokine peut également n'avoir aucun effet adjuvant, voire aboutir à une inversion de l'effet recherché, c'est-à-dire une diminution ou une inhibition de la réponse immunitaire. Ainsi, un vaccin ADN codant pour une chaîne simple d'une immunoglobuline fusionnée avec le GM-CSF n'augmente pas la réponse immunitaire, alors que l'administration directe chez la souris de
15 cette protéine de fusion est efficace, tout comme l'est l'administration d'une protéine de fusion formée de Fv et de la cytokine IL-1bêta ou l'administration d'un vaccin ADN codant pour cette dernière protéine de fusion (Hakim *et al.* J. Immunol 1996. 157. 5503-5511). L'utilisation de plasmides co-exprimant la cytokine IL-2 et la protéine d'enveloppe du virus de l'hépatite B dans une
20 conformation fusionnée ou non fusionnée aboutit à l'augmentation des réponses immunitaires humorales et cellulaires (Chow *et al.* J. Virol. 1997. 71. 169-78). Mais l'utilisation d'un plasmide bicistronique codant pour la glycoprotéine gp120 du virus de l'immunodéficience acquise humaine (HIV-1) et la cytokine IL-2 a induit une réponse immunitaire spécifique anti-gp120 plus faible que celle
25 obtenue par l'utilisation d'un plasmide monocistronique codant uniquement pour gp120 (Barouch *et al.* J. Immunol 1998. 161. 1875-1882). La co-injection chez la souris de deux vecteurs d'expression, l'un codant pour la glycoprotéine G du virus de la rage, l'autre pour le GM-CSF murin stimule l'activité des lymphocytes B et T, alors que la co-injection avec un plasmide codant pour l'interféron gamma
30 (à la place du GM-CSF murin) a pour résultat une diminution de la réponse immunitaire (Xiang *et al.* Immunity 1995. 2. 129-135).

Certaines modifications au niveau des antigènes, telles que les délétions d'une partie de la séquence nucléotidique codant pour l'antigène, les insertions d'un fragment d'ADN dans la séquence nucléotidique codant pour l'antigène ou dans les régions non traduites en amont ou en aval, peuvent également
5 améliorer l'efficacité des vaccins ADN, notamment en améliorant le niveau d'expression de l'antigène ou sa présentation.

Mais en pratique, les manipulations au niveau de la séquence nucléotidique codant pour l'antigène peuvent entraîner une diminution ou la perte de l'activité immunologique initiale. Ainsi, la délétion du domaine
10 transmembranaire dans le gène codant pour l'antigène G du virus de la rage a diminué le niveau de protection induit chez le modèle souris après administration par la voie intramusculaire d'un vaccin ADN codant pour cet antigène modifié (Xiang *et al.* Virol. 1995. 209. 569). La délétion du domaine transmembranaire dans le gène codant pour la glycoprotéine gD du virus herpès bovin (BHV) n'a
15 pas permis d'augmenter la réponse en anticorps et n'a induit qu'une protection partielle chez les bovins vaccinés par la voie intramusculaire (van Drunen Little-van den Hurk *et al.* J. Gen. Virol. 1998. 79. 831-839). Les réponses immunitaires humorales et cellulaires et la protection conférée sont identiques chez des cobayes éprouvés après avoir été immunisés à l'aide soit d'un vaccin ADN
20 codant pour la glycoprotéine GP du virus Ebola, soit d'un vaccin ADN codant pour cette glycoprotéine GP mais sous une forme sécrétée (Xu *et al.* Nature Medicine 1998. 4. 37-42).

L'insertion de la séquence signal de l'activateur du plasminogène tissulaire humain (en anglais human tissue Plasminogen Activator ou human
25 tPA) dans le gène codant pour l'antigène Pf332 de la malaria n'a pas permis d'augmenter la réponse en anticorps chez la souris vaccinée par voie intramusculaire (Haddad *et al.* FEMS 1997. 18. 193-202). L'addition en phase d'une séquence tPA au gène codant pour l'antigène VP7 du rotavirus murin n'a pas également permis d'augmenter la réponse en anticorps chez la souris
30 vaccinée par voie intradermique, alors que la protéine de fusion formée de

l'antigène VP4 et du tPA a permis cette augmentation, mais sans induire une protection efficace (Choi *et al.* Virology 1998. 250. 230-240).

Les modifications effectuées sur la séquence nucléotidique d'un antigène ne peuvent pas en général être directement transposées à un autre antigène, car
5 les antigènes n'ont pas toujours les mêmes agencements structuraux.

La déposante a pour objectif l'amélioration de l'efficacité de la vaccination ADN. Elle a en particulier pour objectif d'obtenir une meilleure réponse immunitaire et notamment une protection efficace chez les animaux de rente,
10 notamment chez les bovins et les porcins, par la vaccination ADN.

La déposante a pour objectif l'élaboration de vaccins ADN améliorés induisant une réponse immunitaire efficace et protectrice contre le virus herpès bovin de type 1 (BHV-1) encore appelé virus de la rhinotrachéite infectieuse bovine (IBR), le virus respiratoire syncytial bovin (BRSV), le virus de la maladie
15 des muqueuses ou pestivirus bovin de type 1 ou de type 2 (bovine viral diarrhea virus ou BVDV-1 et BVDV-2), le virus parainfluenza de type 3 (bPI-3) chez les bovins.

La déposante a pour objectif l'élaboration de vaccins ADN améliorés induisant une réponse immunitaire efficace et protectrice comprenant au moins
20 une valence choisie parmi le groupe formé par le virus herpès porcine ou virus de la maladie d'Aujeszky (Pseudorabies virus ou PRV), le virus du syndrome respiratoire et reproducteur porcine (porcine reproductive respiratory syndrome ou PRRSV), le virus de la grippe porcine (swine influenza virus ou SIV), virus de la peste porcine classique (Hog Cholera Virus ou HCV), parvovirus chez les
25 porcins.

La déposante a également pour objectif l'élaboration de vaccins ADN améliorés permettant d'obtenir une protection immunitaire efficace et protectrice chez le bovin, comprenant au moins une valence choisie parmi le groupe formé des virus BHV-1, BRSV, BVDV, bPI-3 et la rage.

30 L'invention a pour objet des vaccins ADN améliorés permettant d'obtenir une protection efficace contre au moins un pathogène infectant les animaux de

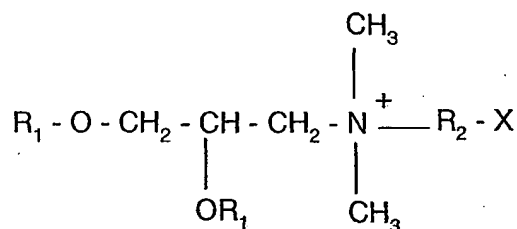
rente, notamment les bovins et les porcins. Le vaccin ADN est amélioré : soit par sa formulation, soit par l'addition de GM-CSF, soit par l'optimisation du ou des antigènes, soit par des combinaisons de ces solutions.

5 De préférence, le vaccin ADN est amélioré par sa formulation, et facultativement soit par l'addition de GM-CSF, soit par l'optimisation du ou des antigènes, enfin soit par l'addition de GM-CSF et par l'optimisation du ou des antigènes.

10 Par définition, le vaccin ADN comprend comme principe actif un plasmide codant pour et exprimant un gène ou fragment de gène, e.g. épitope. Le terme plasmide recouvre une unité de transcription ADN comprenant une séquence polynucléotidique comprenant la séquence du gène à exprimer et les éléments nécessaires à son expression *in vivo*. On préfère la forme plasmide circulaire, super enroulée ou non. La forme linéaire entre également dans le cadre de cette invention.

15 Chaque plasmide comprend un promoteur apte à assurer, dans les cellules hôtes, l'expression du gène inséré sous sa dépendance. Il s'agit en général d'un promoteur eucaryote fort et en particulier d'un promoteur précoce du cytomégalovirus CMV-IE, d'origine humaine ou murine, ou encore éventuellement d'une autre origine telle que rat, cobaye. De manière plus
20 générale, le promoteur est soit d'origine virale, soit d'origine cellulaire. Comme promoteur viral autre que CMV-IE, on peut citer le promoteur précoce ou tardif du virus SV40 ou le promoteur LTR du virus du Sarcome de Rous. Il peut aussi s'agir d'un promoteur de virus dont provient le gène, par exemple le promoteur propre du gène. Comme promoteur cellulaire, on peut citer le promoteur d'un
25 gène du cytosquelette, tel que par exemple le promoteur de la desmine, ou encore le promoteur de l'actine. Lorsque plusieurs gènes sont présents dans le même plasmide, ceux-ci peuvent être présentés dans la même unité de transcription ou dans plusieurs unités différentes.

Suivant une première modalité, les vaccins ADN selon l'invention sont formulés par addition à titre d'adjuvant, de lipides cationiques contenant un sel d'ammonium quaternaire, de formule :



5 dans laquelle R₁ est un radical aliphatique linéaire, saturé ou insaturé, ayant 12 à 18 atomes de carbone, R₂ est un autre radical aliphatique, renfermant 2 ou 3 atomes de carbone, et X un groupement hydroxyle ou amine.

De préférence il s'agit du DMRIE (N-(2-hydroxyéthyl)-N,N-diméthyl-2,3-bis(tetradécyloxy)-1-propanammonium ; WO-A-9634109), de préférence associé
10 avec un lipide neutre, notamment le DOPE (dioléoyl-phosphatidyl-éthanoline), pour former le DMRIE-DOPE.

La présente invention a donc pour objet un vaccin ADN contre au moins un pathogène touchant les animaux de rente, notamment les bovins ou les porcins, comprenant au moins un plasmide contenant au moins une séquence
15 nucléotidique codant pour un immunogène d'un pathogène de l'espèce animale considérée, dans des conditions permettent l'expression *in vivo* de cette séquence, et un lipide cationique contenant un sel d'ammonium quaternaire, notamment le DMRIE, de préférence associé au DOPE.

De préférence, le mélange vecteur recombinant avec cet adjuvant se fait
20 de manière extemporanée et l'on préfère, avant son administration à l'animal, laisser le temps au mélange ainsi constitué de se complexer, par exemple pendant une durée allant de 10 à 60 minutes, notamment de l'ordre de 30 minutes.

Lorsque du DOPE est présent, le ratio molaire DMRIE : DOPE va de
25 préférence de 95 : 5 à 5 : 95, plus particulièrement de 1 : 1.

Le ratio pondéral plasmide : adjuvant DMRIE ou DMRIE-DOPE peut aller notamment de 50 : 1 à 1 : 10, notamment de 10 : 1 à 1 : 5, de préférence de 1 :

extracellulaire des antigènes ainsi tronqués et ainsi augmente leurs possibilités de contact avec les cellules du système immunitaire. L'insertion de la séquence nucléotidique codant pour le signal tPA facilite la traductibilité de l'ARN messenger auquel le signal tPA est joint, et augmente ainsi le niveau d'expression de cet ARN messenger et donc la production d'antigènes. Le signal tPA joue aussi un rôle dans la sécrétion de l'antigène synthétisé.

D'autres séquences nucléotidiques codant pour des peptides signaux peuvent être utilisées, notamment celles du peptide signal de la mélittine provenant des abeilles (Sisk W. P. *et al.*, 1994, J. Virol., **68**, 766-775).

L'insertion d'un intron stabilisateur dans le gène codant pour l'antigène d'intérêt évite les épissages aberrants de son ARN messenger et maintient l'intégrité physique de ce dernier.

De préférence le signal tPA est d'origine humaine. La séquence nucléotidique du signal tPA humain est accessible auprès de la base de données GenBank sous le numéro d'accès NM_000930. De préférence, l'intron est l'intron II du gène de la bêta-globine du lapin (van Ooyen *et al.* Science 1979. **206**. 337-344), dont la séquence nucléotidique est accessible auprès de la base de données GenBank sous le numéro d'accès V00882 et référencée sous intron n°2.

La présente invention a pour objet un vaccin ADN amélioré capable d'induire une réponse immunitaire efficace et protectrice chez les bovins contre la rhinotrachéite infectieuse bovine (IBR).

Le virus responsable de la rhinotrachéite infectieuse bovine est un virus herpès bovin de type 1 (BHV-1), membre de la famille des *Alphaherpesvirinae* (Babiuk L. A. *et al.* 1996. Vet. Microbiol. **53**. 31-42). Des séquences nucléotidiques codant pour les glycoprotéines gB, gC et gD, sont connues et accessibles auprès de la base de données GenBank sous le numéro d'accès AJ004801.

Selon l'invention, le vaccin ADN contre IBR est de préférence amélioré par sa formulation avec un adjuvant selon l'invention, notamment le DMRIE, de

préférence le DMRIE-DOPE. Facultativement, cela peut être combiné avec soit l'addition de GM-CSF bovin (Maliszewski *et al.* Molec. Immunol. 1988. 25. 843-850), soit l'optimisation d'au moins un antigène de IBR, enfin soit l'addition de GM-CSF bovin et l'optimisation d'au moins un antigène de IBR.

5 Une séquence nucléotidique codant pour le GM-CSF bovin est accessible auprès de la base de données GenBank sous le numéro d'accès U22385.

L'addition de GM-CSF bovin peut se faire par l'incorporation du polypeptide GM-CSF bovin dans la composition vaccinale ou de préférence par l'insertion de la séquence nucléotidique codant pour le GM-CSF bovin dans un vecteur d'expression *in vivo*, de préférence un plasmide. De préférence, la
10 séquence nucléotidique codant pour le GM-CSF bovin est insérée dans un deuxième plasmide d'expression (e.g. pLF1032 exemple 13), différent de celui (ou de ceux) dans lequel est inséré le ou les gènes codant pour le ou les antigènes de IBR.

15 L'optimisation des antigènes issus de IBR se fait par substitution, par une séquence " signal ", notamment celle du signal tPA d'origine humaine (GenBank numéro d'accès NM_000930), de la séquence du peptide signal de la glycoprotéine gB et/ou de la glycoprotéine gC et/ou de la glycoprotéine gD, et/ou par la délétion du fragment d'ADN codant pour le domaine transmembranaire de
20 gB et/ou de gC et/ou de gD. La délétion du fragment d'ADN codant pour le domaine transmembranaire d'une de ces glycoprotéines s'accompagne de préférence de la partie C terminale contiguë (portion cytoplasmique de la glycoprotéine). Le vaccin ADN contre IBR selon l'invention peut donc coder et exprimer un seul antigène d'IBR optimisé (gB, gC ou gD) ou deux d'entre eux ou
25 les trois, c'est-à-dire gB optimisé, gC optimisé et gD optimisé.

Des séquences nucléotidiques codant pour les antigènes de BHV-1 utilisables dans la présente invention et différentes constructions de vecteurs d'expression sont données dans les exemples annexés et dans FR-A1-2751229, notamment dans les exemples 7 et 8, et dans les figures 3 et 4.

30 De manière préférentielle selon l'invention, le vaccin ADN contre BHV-1 est formulé avec du DMRIE-DOPE, et est composé d'un plasmide d'expression

(e.g. pPB281, exemple 3.1.2) codant pour l'antigène gB de BHV-1 optimisé par la délétion du fragment de la séquence nucléotidique codant pour le domaine transmembranaire et la partie C terminale contiguë, d'un deuxième plasmide d'expression (e.g. pPB292, exemple 3.2.2) codant pour l'antigène gC de BHV-1 optimisé par la délétion du fragment de la séquence nucléotidique codant pour le domaine transmembranaire et la partie C terminale contiguë, et d'un troisième plasmide d'expression (e.g. pPB284, exemple 3.3.2) codant pour l'antigène gD de BHV-1 optimisé par la délétion du fragment de la séquence nucléotidique codant pour le domaine transmembranaire et la partie C terminale contiguë.

De manière générale, et pas seulement pour BHV-1, la partie C terminale contiguë à la séquence codant pour le domaine transmembranaire peut être conservée. Il est toutefois souvent plus aisé de la déléter en même temps que la séquence codant pour le domaine transmembranaire.

La présente invention a aussi pour objet un vaccin ADN amélioré capable d'induire une réponse immunitaire efficace et protectrice chez les bovins contre le virus respiratoire syncytial bovin (BRSV).

Le virus BRSV est un Paramyxovirus, membre également de la famille des *Paramyxoviridae* (Baker *et al.* Vet. Clin. North Am. Food Anim. Pract. 1997. **13**. 425-454). Des séquences nucléotidiques codant pour la protéine F et la glycoprotéine G sont connues et accessibles auprès de la base de données GenBank respectivement sous le numéro d'accès Y17970 et U33539.

Le vaccin ADN contre BRSV est de préférence formulé avec un adjuvant selon l'invention, notamment le DMRIE, de préférence le DMRIE-DOPE. Ceci peut être facultativement combiné avec soit l'addition de GM-CSF bovin, soit l'optimisation d'au moins un antigène de BRSV, enfin soit l'addition de GM-CSF bovin et l'optimisation d'au moins un antigène de BRSV.

L'addition de GM-CSF bovin peut se faire comme cela est décrit pour BHV-1.

L'optimisation des antigènes issus de BRSV se fait par substitution, par une séquence " signal ", notamment celle du tPA d'origine humaine, de la séquence signal de la protéine F de BRSV et/ou de la glycoprotéine d'enveloppe

G de BRSV, et/ou par la délétion du fragment d'ADN codant pour le domaine transmembranaire de F et/ou de G. La délétion du fragment d'ADN codant pour le domaine transmembranaire d'une de ces protéines s'accompagne de préférence de la partie C terminale contiguë. Le vaccin ADN contre BRSV selon
5 l'invention peut donc coder et exprimer un seul antigène de BRSV optimisé (F ou G) ou les deux (F et G).

Des séquences nucléotidiques codant pour les antigènes de BRSV utilisables dans la présente invention et différentes constructions de vecteurs d'expression sont données dans les exemples annexés et dans FR-A1-2751229,
10 notamment dans les exemples 9 et 10, et dans les figures 5 et 6.

De manière préférentielle selon l'invention, le vaccin ADN contre BRSV est formulé avec du DMRIE-DOPE, et est composé d'un plasmide d'expression (e.g. pSB114 exemple 4.1.3) codant pour l'antigène F de BRSV optimisé par l'insertion de la séquence signal du tPA humain à la place de la séquence signal
15 de F, par la délétion du fragment de la séquence nucléotidique de F codant pour le domaine transmembranaire et la partie C terminale contiguë, et d'un deuxième plasmide d'expression (e.g. pSB110 exemple 4.2.2) codant pour l'antigène G de BRSV optimisé par l'insertion de la séquence signal du tPA humain à la place de la séquence signal de G, par la délétion du fragment de la séquence
20 nucléotidique codant pour le domaine transmembranaire de G et la partie C terminale contiguë.

La présente invention a aussi pour objet un vaccin ADN amélioré capable d'induire une réponse immunitaire efficace et protectrice chez les bovins contre
25 le virus BVDV.

Le virus BVDV est un pestivirus de la famille des *Flaviviridae*. Il est universellement répandu dans les populations bovines et se manifeste par des malformations de fœtus, des avortements ou des symptômes cliniques respiratoires (maladie des muqueuses) et entériques (diarrhée virale bovine).

30 Les virus BVDV se différencient par la gravité des signes cliniques et deux groupes ont été formés, les BVDV de type 1 (signes cliniques inapparents ou

moyens) et ceux de type 2 (signes cliniques aigus, hémorragie, forte morbidité, forte mortalité) (Dean H. J. et Leyh R., 1999, *Vaccine*, **17**, 1117-1124).

Lorsque le type d'un virus BVDV n'est pas précisé clairement, ce virus s'entend comme étant du type 1 ou du type 2.

5 Le virus BVDV est un virus enveloppé à ARN monocaténaire, composé d'un seul gène codant pour une polyprotéine qui après clivage donne plusieurs protéines bien individualisées, notamment la protéine E0 (gp48) et la protéine E2 (gp53) (Vassilev V. B. *et al.*, 1997, *J. Virol.*, **71**, 471-478).

Des séquences nucléotidiques codant pour les polyprotéines E0-E2 sont
10 connues et accessibles auprès de la base de données GenBank sous le numéro d'accès M96687 pour BVDV-1 et AF145967 pour BVDV-2.

Le vaccin ADN contre BVDV est de préférence formulé avec un adjuvant selon l'invention, notamment le DMRIE, de préférence le DMRIE-DOPE. Ceci peut être facultativement combiné avec soit l'addition de GM-CSF bovin, soit
15 l'optimisation d'au moins un antigène de BVDV, enfin soit l'addition de GM-CSF bovin et l'optimisation d'au moins un antigène de BVDV.

L'addition de GM-CSF bovin peut se faire comme cela est décrit pour BHV-1.

L'optimisation des antigènes issus de BVDV se fait par addition d'une
20 séquence " signal ", notamment celle du tPA d'origine humaine, en amont de la séquence nucléotidique codant pour la protéine E0 de BVDV et/ou de la protéine E2 de BVDV, et/ou par la délétion du fragment d'ADN codant pour le domaine transmembranaire de E2, et/ou par l'insertion d'un intron, notamment de l'intron II du gène de la bêta-globine du lapin en amont de la séquence nucléotidique
25 codant pour E0 et/ou pour E2. Le vaccin ADN contre BVDV selon l'invention peut donc coder et exprimer un seul antigène de BVDV optimisé (E0 ou E2) ou les deux (E0 et E2).

Des séquences nucléotidiques codant pour les antigènes de BVDV utilisables dans la présente invention et différentes constructions de vecteurs
30 d'expression sont données dans les exemples annexés et dans FR-A1-2751229, notamment dans l'exemple 13, et dans la figure 9.

De manière préférentielle selon l'invention, le vaccin ADN contre BVDV est formulé avec du DMRIE-DOPE, et est composé d'un plasmide d'expression (e.g. pLF1029 exemple 5.1.2, pLF1031 exemple 6.2.2) codant pour l'antigène E0 de BVDV optimisé par l'insertion de la séquence signal du tPA humain en amont de E0 et par l'insertion de l'intron II du gène de la bêta-globine du lapin en amont de E0, et d'un deuxième plasmide d'expression (e.g. pLF1021 exemple 5.2.2, pLF1023 exemple 6.1.2) codant pour l'antigène E2 de BVDV optimisé par l'insertion de la séquence signal du tPA humain en amont de E2, par la délétion du fragment de la séquence nucléotidique codant pour le domaine transmembranaire de E2 et la partie C terminale contiguë et par l'insertion de l'intron II du gène de la bêta-globine du lapin en amont de E2.

Un mélange de plasmides peut avantageusement être réalisé. Le mélange peut comprendre au moins deux plasmides d'expression, chacun exprimant un immunogène différent (E0 ou E2) et/ou provenant d'un type de BVDV différent (BVDV-1 ou BVDV-2). En particulier, un mélange fait de quatre plasmides exprimant BVDV-1 E0, BVDV-1 E2, BVDV-2 E0 et BVDV-2 E2.

La présente invention a aussi pour objet un vaccin ADN amélioré capable d'induire une réponse immunitaire efficace et protectrice chez les bovins contre le virus parainfluenza de type 3 (bPI-3).

Le virus bPI-3 est un *Paramyxovirus*, membre également de la famille des *Paramyxoviridae* (Tsai *et al.* Infect. Immun. 1975. 11. 783-803).

Des séquences nucléotidiques codant pour les protéines hémagglutinine-neuraminidase (HN) et de la protéine de fusion (F) de bPI-3 sont connues et accessibles auprès de la base de données GenBank sous le numéro d'accès U31671.

Le vaccin ADN contre bPI-3 est de préférence formulé avec un adjuvant selon l'invention, notamment le DMRIE, de préférence le DMRIE-DOPE. Ceci peut être facultativement combiné avec soit l'addition de GM-CSF bovin, soit l'optimisation d'au moins un antigène de bPI-3, enfin soit l'addition de GM-CSF bovin et l'optimisation d'au moins un antigène de bPI-3.

L'addition de GM-CSF bovin peut se faire comme cela est décrit pour BHV-1.

L'optimisation des antigènes issus de bPI-3 se fait par substitution, par une séquence " signal ", notamment celle du tPA d'origine humaine, de la
5 séquence signal de l'hémagglutinine-neuraminidase (HN) de bPI-3 et/ou de la protéine de fusion (F) de bPI-3, et/ou par la délétion du fragment d'ADN codant pour le domaine transmembranaire de HN et/ou de F, et/ou par l'insertion d'un intron, notamment de l'intron II du gène de la bêta-globine du lapin en amont de la séquence nucléotidique codant pour HN et/ou pour F. La délétion du fragment
10 d'ADN codant pour le domaine transmembranaire d'une de ces protéines s'accompagne de préférence de la partie C terminale contiguë. Le vaccin ADN contre bPI-3 selon l'invention peut donc coder et exprimer un seul antigène de PI-3 optimisé (HN ou F) ou les deux (HN et F).

Des séquences nucléotidiques codant pour les antigènes de bPI-3
15 utilisables dans la présente invention et différentes constructions de vecteurs d'expression sont données dans les exemples annexés et dans FR-A1-2751229, notamment dans les exemples 14 et 15, et dans les figures 10 et 11.

De manière préférentielle selon l'invention, le vaccin ADN contre bPI-3 est formulé avec du DMR1E-DOPE, et est composé d'un plasmide d'expression (e.g.
20 pLF1025 exemple 7.1.2) codant pour l'antigène HN de bPI-3 optimisé par l'insertion de la séquence signal du tPA humain à la place de la séquence signal de HN, par la délétion du fragment de la séquence nucléotidique de HN codant pour le domaine transmembranaire et la partie C terminale contiguë et par l'insertion de l'intron II du gène de la bêta-globine du lapin en amont de HN, et
25 d'un deuxième plasmide d'expression (e.g. pLF1027 exemple 7.2.2) codant pour l'antigène F de bPI-3 optimisé par l'insertion de la séquence signal du tPA humain à la place de la séquence signal de F, par la délétion du fragment de la séquence nucléotidique codant pour le domaine transmembranaire de F et la partie C terminale contiguë et par l'insertion de l'intron II du gène de la bêta-
30 globine du lapin en amont de F.

La présente invention a pour objet un vaccin ADN amélioré capable d'induire une réponse immunitaire efficace et protectrice chez le porc contre le virus herpès porcin (PRV).

Le virus PRV est un membre de la famille des *Alphaherpesvirinae*, ce virus est responsable de la maladie d'Aujeszky (Sawitzky D. Arch. Virol. Suppl. 1997. 13. 201-206).

Des séquences nucléotidiques codant pour les glycoprotéines gB, gC et gD, sont connues et accessibles auprès de la base de données GenBank sous le numéro d'accès M17321, AF158090, AF086702.

Le vaccin ADN contre PRV est de préférence formulé avec un adjuvant selon l'invention, notamment le DMRIE, de préférence le DMRIE-DOPE. Ceci peut être facultativement combiné avec soit l'addition de GM-CSF porcin (Inumaru S. et Takamatsu H. Immunol. Cell. Biol. 1995. 73. 474-476), soit l'optimisation d'au moins un antigène de PRV, enfin soit l'addition de GM-CSF porcin et l'optimisation d'au moins un antigène de PRV.

L'addition de GM-CSF porcin peut se faire par l'incorporation du polypeptide GM-CSF porcin dans la composition vaccinale ou par l'insertion d'une séquence nucléotidique codant pour le GM-CSF porcin (e.g. accessible auprès de la base de données GenBank sous le numéro d'accès D21074) dans un vecteur d'expression *in vivo*, de préférence un plasmide. De préférence, la séquence nucléotidique codant pour le GM-CSF porcin est insérée dans un deuxième plasmide d'expression (e.g. pLF1033 exemple 14), différent de celui (ou de ceux) dans lequel est inséré le ou les gènes codant pour le ou les antigènes de PRV.

L'optimisation des antigènes issus de PRV se fait par substitution, par une séquence " signal ", notamment celle du signal tPA d'origine humaine (GenBank numéro d'accès NM_000930), de la séquence du peptide signal de la glycoprotéine gB et/ou de la glycoprotéine gC et/ou de la glycoprotéine gD, et/ou par la délétion du fragment d'ADN codant pour le domaine transmembranaire de gB et/ou de gC et/ou de gD. La délétion du fragment d'ADN codant pour le domaine transmembranaire d'une de ces glycoprotéines s'accompagne de

préférence de la partie C terminale contiguë. Le vaccin ADN contre PRV selon l'invention peut donc coder et exprimer un seul antigène de PRV optimisé (gB, gC ou gD) ou deux d'entre eux ou les trois, c'est-à-dire gB optimisé, gC optimisé et gD optimisé.

5 Des séquences nucléotidiques codant pour les antigènes de PRV utilisables dans la présente invention et différentes constructions de vecteurs d'expression sont données dans les exemples annexés et dans FR-A1-2751224, notamment dans les exemples 8 et 9 et dans les figures 3 et 5.

De manière préférentielle selon l'invention, le vaccin ADN contre PRV est
10 formulé avec du DMRIE-DOPE, et est composé d'un plasmide d'expression (e.g. pSB102 exemple 8.1.2) codant pour l'antigène gB de PRV optimisé par la délétion du fragment de la séquence nucléotidique codant pour le domaine transmembranaire et de la partie C terminale contiguë, d'un deuxième plasmide d'expression (e.g. pSB104 exemple 8.2.2) codant pour l'antigène gC de PRV
15 optimisé par la délétion du fragment de la séquence nucléotidique codant pour le domaine transmembranaire et de la partie C terminale contiguë, et d'un troisième plasmide d'expression (e.g. pSB106 exemple 8.3.2) codant pour l'antigène gD de PRV optimisé par la délétion du fragment de la séquence nucléotidique codant pour le domaine transmembranaire et de la partie C terminale contiguë.

20

La présente invention a pour objet un vaccin ADN amélioré capable d'induire une réponse immunitaire efficace et protectrice chez le porc contre le virus du syndrome respiratoire et reproducteur porcin (PRRSV),

25 Le virus PRRSV est un Arterivirus, membre de la famille des *Arteriviridae*, (Murtaugh *et al.* Arch. Virol. 1995. 140. 1451-1460).

Des séquences nucléotidiques codant pour les protéines codées par les cadres ouverts de lecture COL3, COL5 et COL6 sont connues et accessibles auprès de la base de données GenBank sous le numéro d'accès U87392.

30 Le vaccin ADN contre PRRSV est de préférence formulé avec un adjuvant selon l'invention, notamment le DMRIE, de préférence le DMRIE-DOPE. Ceci peut être facultativement combiné avec soit l'addition de GM-CSF porcin, soit

l'optimisation d'au moins un antigène de PRRSV, enfin soit l'addition de GM-CSF porcin et l'optimisation d'au moins un antigène de PRRSV.

L'addition de GM-CSF porcin peut se faire comme cela est décrit pour PRV.

- 5 L'optimisation des antigènes issus de PRRSV se fait par substitution, par une séquence " signal ", notamment celle du signal tPA d'origine humaine (GenBank numéro d'accès NM_000930), de la séquence du peptide signal de la protéine codée par le cadre ouvert de lecture 3 (COL3, gp45 ou grande glycoprotéine d'enveloppe) et/ou de la glycoprotéine COL5 (gp25 ou
10 glycoprotéine d'enveloppe E) et/ou de la glycoprotéine COL6 (gp18 ou protéine de membrane), et/ou par la délétion du fragment d'ADN codant pour le domaine transmembranaire de COL3 et/ou de COL5 et/ou de COL6. La délétion du fragment d'ADN codant pour le domaine transmembranaire d'une de ces glycoprotéines s'accompagne de préférence de la partie C terminale contiguë.
- 15 Le vaccin ADN contre PRRSV selon l'invention peut donc coder et exprimer un seul antigène de PRRSV optimisé (COL3, COL5 ou COL6) ou deux d'entre eux ou les trois, c'est-à-dire COL3 optimisé, COL5 optimisé et COL6 optimisé.

Des séquences nucléotidiques codant pour les antigènes de PRRSV utilisables dans la présente invention et différentes constructions de vecteurs
20 d'expression sont données dans les exemples annexés et dans FR-A1-2751224, notamment dans les exemples 14 à 17 et dans les figures 14 à 17.

De manière préférentielle selon l'invention, le vaccin ADN contre PRRSV est formulé avec du DMRIE-DOPE, et est composé d'un plasmide d'expression (e.g. pLF1009 exemple 9.1.1, pLF1015 exemple 10.1.1) codant pour l'antigène
25 COL3 de PRRSV, d'un deuxième plasmide d'expression (e.g. pLF1012 exemple 9.2.2, pLF1018 exemple 10.2.2) codant pour l'antigène COL5 de PRRSV optimisé par substitution de la séquence signal de COL5 par la séquence peptide signal tPA humain et par la délétion du fragment de la séquence nucléotidique codant pour le domaine transmembranaire et la partie C terminale contiguë, et
30 d'un troisième plasmide d'expression (e.g. pLF1014 exemple 9.3.2, pLF1016 exemple 10.3.2) codant pour l'antigène COL6 de PRRSV optimisé par

substitution de la séquence signal de COL6 par la séquence peptide signal tPA humain et par la délétion du fragment de la séquence nucléotidique codant pour le domaine transmembranaire et la partie C terminale contiguë.

Un mélange de plasmides peut avantageusement être réalisé. Le mélange
5 peut comprendre au moins deux plasmides d'expression, chacun exprimant un immunogène différent (COL3, COL5 ou COL6) et/ou provenant d'une souche de PRRSV différente (e.g. souche européenne, par exemple Lelystad, souche américaine ATCC VR-2332). En particulier, un mélange fait de six plasmides exprimant PRRSV Lelystad COL3, PRRSV Lelystad COL5, PRRSV Lelystad
10 COL6, PRRSV VR-2332 COL3, PRRSV VR-2332 COL5 et PRRSV VR-2332 COL6.

La présente invention a aussi pour objet un vaccin ADN amélioré capable d'induire une réponse immunitaire efficace et protectrice chez les porcins contre
15 le virus de la grippe porcine (SIV).

Le virus SIV est un virus influenza du groupe A, membre de la famille des *Orthomyxoviridae* (Murphy B. R. et Webster R. G. Virology, Second Edition, edited by B. N. Fields, D. M. Knipe *et al.* Raven Press Ltd., New York 1990).

Des séquences nucléotidiques codant pour les protéines hémagglutinine
20 (HA) et neuraminidase (NA) de la souche SIV H1N1 et H3N2 sont connues et accessibles auprès de la base de données GenBank sous le numéro d'accès K00992, U86145, U07146, AF153238.

Le vaccin ADN contre SIV est de préférence formulé avec un adjuvant selon l'invention, notamment le DMRIE, de préférence le DMRIE-DOPE. Ceci
25 peut être facultativement combiné avec soit l'addition de GM-CSF porcin, soit l'optimisation d'au moins un antigène de SIV, enfin soit l'addition de GM-CSF porcin et l'optimisation d'au moins un antigène de SIV.

L'addition de GM-CSF porcin peut se faire comme cela est décrit pour PRV.

30 L'optimisation des antigènes issus de SIV se fait par substitution, par une séquence " signal ", notamment celle du tPA d'origine humaine, de la séquence

signal de l'hémagglutinine (HA) de SIV et/ou de la protéine de la neuraminidase (NA) de SIV, et/ou par la délétion du fragment d'ADN codant pour le domaine transmembranaire de HA et/ou de NA, et/ou par l'insertion d'un intron, notamment de l'intron II du gène de la bêta-globine du lapin en amont de la séquence nucléotidique codant pour HA et/ou pour NA. La délétion du fragment d'ADN codant pour le domaine transmembranaire d'une de ces protéines s'accompagne de préférence de la partie C terminale contiguë. Le vaccin ADN contre SIV selon l'invention peut donc coder et exprimer un seul antigène de SIV optimisé (HA ou NA) ou les deux (HA et NA).

Des séquences nucléotidiques codant pour des antigènes de SIV utilisables dans la présente invention et différentes constructions de vecteurs d'expression sont données dans les exemples annexés et dans FR-A1-2751224, notamment dans les exemples 10 et 11, et dans les figures 7 et 9 pour SIV de souche H1N1, et dans les exemples 12 et 13, et dans les figures 11 et 13 pour SIV de souche H3N2.

De manière préférentielle selon l'invention, le vaccin ADN contre SIV est formulé avec du DMRIE-DOPE, et est composé d'un plasmide d'expression (e.g. pLF1002 exemple 11.1.2, pLF1006 exemple 12.1.2) codant pour l'antigène HA de SIV optimisé par l'insertion de la séquence signal du tPA humain à la place de la séquence signal de HA, par la délétion du fragment de la séquence nucléotidique de HA codant pour le domaine transmembranaire et la partie C terminale contiguë, et par l'insertion de l'intron II du gène de la bêta-globine du lapin en amont de HA, et d'un deuxième plasmide d'expression (e.g. pLF1004 exemple 11.2.2, pLF1008 exemple 12.2.2) codant pour l'antigène NA de SIV optimisé par l'insertion de la séquence signal du tPA humain à la place de la séquence signal de NA, par la délétion du fragment de la séquence nucléotidique codant pour le domaine transmembranaire de NA et la partie C terminale contiguë, et par l'insertion de l'intron II du gène de la bêta-globine du lapin en amont de NA.

Un mélange de plasmides peut avantageusement être réalisé. Le mélange peut comprendre au moins deux plasmides d'expression, chacun exprimant un

immunogène différent (HA ou NA) et/ou provenant d'une souche de SIV différente (e.g. H1N1 ou H3N2). En particulier, un mélange fait de quatre plasmides exprimant SIV H1N1 HA, SIV H1N1 NA, SIV H3N2 HA et SIV H3N2 NA.

5

Bien que l'invention soit décrite en liaison avec des vaccins ADN particuliers, l'invention et notamment l'utilisation des adjuvants selon l'invention s'applique également à des vaccins ADN dirigés contre d'autres pathogènes de ces espèces animales.

10

Dans le même ordre d'idée, les vaccins selon l'invention peuvent être, pour une espèce animale, combinés entre eux et/ou avec des vaccins ADN dirigés contre d'autres pathogènes de la même espèce.

Ces autres pathogènes peuvent être notamment les virus de la rage, de la peste porcine et parvovirus porcins.

15

Une préparation immunogène ou un vaccin ADN amélioré selon l'invention contre le virus de la rage comprend notamment un plasmide codant pour la glycoprotéine G non modifiée du virus de la rage et du DMRIE-DOPE et facultativement l'addition de GM-CSF.

20

Une préparation immunogène ou un vaccin ADN amélioré selon l'invention contre le parvovirus porcine comprend notamment un plasmide codant pour un antigène issu du parvovirus porcine (e.g. la protéine VP2, exemple 18 et figure 18 de FR-A1-2751224) et du DMRIE-DOPE et facultativement l'addition de GM-CSF porcine (e.g. pLF1033, exemple 14).

25

Une préparation immunogène ou un vaccin ADN amélioré selon l'invention contre le virus de la peste porcine (HCV) comprend notamment un plasmide codant pour un antigène issu de HCV (e.g. la protéine E1, exemple 19 et figure 19 de ou la protéine E2, exemple 20 et figure 20 de même document) et du DMRIE-DOPE et facultativement du GM-CSF porcine (e.g. pLF1033, exemple 14).

30

Ainsi, la présente invention a également pour objet des vaccins ADN multivalents améliorés permettant d'obtenir une protection efficace chez les

bovins contre au moins deux pathogènes bovins choisis parmi le groupe formé des virus BHV-1, BRSV, BVDV bPI-3 et rage.

La présente invention a également pour objet des vaccins ADN multivalents améliorés permettant d'obtenir une protection efficace chez le porc
5 contre au moins deux pathogènes porcins choisis parmi le groupe formé des virus PRV, PRRSV, SIV, virus de la peste porcine (Hog Cholera Virus ou HCV), et parvovirus porcins.

Les vaccins ADN multivalents peuvent être améliorés par leur formulation avec un adjuvant selon l'invention, notamment avec le DMRIE, de préférence
10 avec le DMRIE-DOPE. Ceci peut être facultativement combiné soit avec l'addition de GM-CSF comme cela est précédemment décrit, soit avec l'optimisation d'au moins un antigène d'intérêt comme cela est précédemment décrit, enfin soit par l'addition de GM-CSF et l'optimisation d'au moins un antigène d'intérêt.

15 Les vaccins ADN multivalents améliorés selon l'invention se composent d'un ou plusieurs plasmides d'expression, de telle façon que ces vaccins conduisent à l'expression *in vivo* d'au moins un immunogène d'un premier pathogène et d'au moins un immunogène d'au moins un autre pathogène, infectant la même espèce animale. L'un au moins de ces immunogènes est de
20 préférence choisi parmi les membres du groupe suivant :

- F de BRSV, G de BRSV, gB de BHV-1, gC de BHV-1, gD de BHV-1, E0 de BVDV-1, E2 de BVDV-1, E0 de BVDV-2, E2 de BVDV-2, F de bPI-3 et HN de bPI-3 pour les bovins, et

- gB de PRV, gC de PRV, gD de PRV, COL3 de PRRSV souche Lelystad, COL5 de PRRSV souche Lelystad, COL6 de PRRSV souche Lelystad, COL3 de
25 PRRSV souche VR-2332, COL5 de PRRSV souche VR-2332, COL6 de PRRSV souche VR-2332, HA de SIV souche H1N1, NA de SIV souche H1N1, HA de SIV souche H3N2 et NA de SIV souche H3N2 pour les porcins.

Les vaccins ADN monovalents ou multivalents améliorés selon l'invention
30 peuvent être également associés avec au moins un vaccin classique (inactivé, vivant atténué, sous-unités) ou vaccin recombiné utilisant un vecteur

d'expression *in vivo* (e.g. poxvirus, adénovirus, herpèsvirus) dirigé contre au moins un pathogène différent infectant la même espèce, ou être utilisés comme rappels de tels vaccins.

L'homme de l'art peut se reporter à FR-A1-2751229 pour les méthodes pour construire les plasmides contenant ces valences bovines, à FR-A1-2751224 pour les valences porcines.

La présente invention a également pour objet une méthode de vaccination des animaux de rente, notamment des bovins ou des porcins. Cette méthode de vaccination comprend l'administration d'un des vaccins ADN améliorés monovalents ou multivalents tels que décrits précédemment. Ces méthodes de vaccination concerne la femelle gestante en vue du transfert passif de l'immunité ou le jeune animal ou l'adulte. Cette méthode de vaccination comprend l'administration d'une ou plusieurs doses du vaccin ADN amélioré.

La quantité d'ADN utilisée dans les vaccins selon la présente invention est comprise entre environ 10 µg et environ 1000 µg, et préférentiellement entre environ 50 µg et environ 500 µg, pour un plasmide donné. L'homme de l'art possède les compétences nécessaires pour définir précisément la dose efficace d'ADN à utiliser pour chaque protocole de vaccination.

Les volumes de dose peuvent être de préférence compris entre 0,2 et 5 ml, de préférence entre 1 et 3 ml.

Les vaccins ADN améliorés selon l'invention peuvent être administrés, dans le cadre de cette méthode de vaccination, par les différentes voies d'administration proposées dans l'art antérieur pour la vaccination polynucléotidique et au moyen des techniques d'administration connues.

Suivant une modalité préférée de l'invention, les méthodes de vaccination comprennent l'administration par la voie intramusculaire, sous-cutanée ou à l'aide d'un injecteur sans aiguille par voie intradermique des vaccins ADN améliorés selon l'invention.

L'invention va être maintenant décrite plus en détail à l'aide de modes de réalisation pris à titre d'exemples non limitatifs et se référant aux dessins dans lesquels :

Figure N° 1 : Plasmide pVR1012

5 Figure N° 2 : Plasmide pAB110

Listes des séquences :

SEQ ID NO 1 : oligonucléotide PB326

10 SEQ ID NO 2 : oligonucléotide PB329

SEQ ID NO 3 : oligonucléotide SB090

SEQ ID NO 4 : oligonucléotide SB091

SEQ ID NO 5 : oligonucléotide LF001

SEQ ID NO 6 : oligonucléotide LF002

15 SEQ ID NO 7 : oligonucléotide PB234

SEQ ID NO 8 : oligonucléotide PB235

SEQ ID NO 9 : oligonucléotide PB511

SEQ ID NO 10 : oligonucléotide PB512

SEQ ID NO 11 : oligonucléotide SB221

20 SEQ ID NO 12 : oligonucléotide SB222

SEQ ID NO 13 : oligonucléotide PB507

SEQ ID NO 14 : oligonucléotide PB508

SEQ ID NO 15 : oligonucléotide PB513

SEQ ID NO 16 : oligonucléotide PB514

25 SEQ ID NO 17 : oligonucléotide SB223

SEQ ID NO 18 : oligonucléotide SB224

SEQ ID NO 19 : oligonucléotide PB497

SEQ ID NO 20 : oligonucléotide PB498

SEQ ID NO 21 : oligonucléotide SB225

30 SEQ ID NO 22 : oligonucléotide SB226

SEQ ID NO 23 : oligonucléotide SB210

SEQ ID NO 24 : oligonucléotide SB211

- SEQ ID NO 25 : oligonucléotide SB212
SEQ ID NO 26 : oligonucléotide SB220
SEQ ID NO 27 : oligonucléotide SB213
SEQ ID NO 28 : oligonucléotide SB214
5 SEQ ID NO 29 : oligonucléotide SB215
SEQ ID NO 30 : oligonucléotide SB216
SEQ ID NO 31 : oligonucléotide LF050
SEQ ID NO 32 : oligonucléotide LF051
SEQ ID NO 33 : oligonucléotide LF052
10 SEQ ID NO 34 : oligonucléotide LF053
SEQ ID NO 35 : oligonucléotide LF039
SEQ ID NO 36 : oligonucléotide LF040
SEQ ID NO 37 : oligonucléotide LF041
SEQ ID NO 38 : oligonucléotide LF042
15 SEQ ID NO 39 : oligonucléotide LF043
SEQ ID NO 40 : oligonucléotide LF044
SEQ ID NO 41 : oligonucléotide LF045
SEQ ID NO 42 : oligonucléotide LF046
SEQ ID NO 43 : oligonucléotide LF064
20 SEQ ID NO 44 : oligonucléotide LF065
SEQ ID NO 45 : oligonucléotide LF066
SEQ ID NO 46 : oligonucléotide LF067
SEQ ID NO 47 : oligonucléotide LF047
SEQ ID NO 48 : oligonucléotide LF048
25 SEQ ID NO 49 : oligonucléotide LF058
SEQ ID NO 50 : oligonucléotide LF059
SEQ ID NO 51 : oligonucléotide LF060
SEQ ID NO 52 : oligonucléotide LF061
SEQ ID NO 53 : oligonucléotide LF062
30 SEQ ID NO 54 : oligonucléotide LF063
SEQ ID NO 55 : oligonucléotide SB201

- SEQ ID NO 56 : oligonucléotide SB202
SEQ ID NO 57 : oligonucléotide SB203
SEQ ID NO 58 : oligonucléotide SB217
SEQ ID NO 59 : oligonucléotide SB204
5 SEQ ID NO 60 : oligonucléotide SB205
SEQ ID NO 61 : oligonucléotide SB206
SEQ ID NO 62 : oligonucléotide SB218
SEQ ID NO 63 : oligonucléotide SB207
SEQ ID NO 64 : oligonucléotide SB208
10 SEQ ID NO 65 : oligonucléotide SB209
SEQ ID NO 66 : oligonucléotide SB219
SEQ ID NO 67 : oligonucléotide LF027
SEQ ID NO 68 : oligonucléotide LF028
SEQ ID NO 69 : oligonucléotide LF019
15 SEQ ID NO 70 : oligonucléotide LF020
SEQ ID NO 71 : oligonucléotide LF021
SEQ ID NO 72 : oligonucléotide LF022
SEQ ID NO 73 : oligonucléotide LF023
SEQ ID NO 74 : oligonucléotide LF024
20 SEQ ID NO 75 : oligonucléotide LF025
SEQ ID NO 76 : oligonucléotide LF026
SEQ ID NO 77 : oligonucléotide LF037
SEQ ID NO 78 : oligonucléotide LF038
SEQ ID NO 79 : oligonucléotide LF029
25 SEQ ID NO 80 : oligonucléotide LF030
SEQ ID NO 81 : oligonucléotide LF031
SEQ ID NO 82 : oligonucléotide LF032
SEQ ID NO 83 : oligonucléotide LF033
SEQ ID NO 84 : oligonucléotide LF034
30 SEQ ID NO 85 : oligonucléotide LF035
SEQ ID NO 86 : oligonucléotide LF036

- SEQ ID NO 87 : oligonucléotide LF003
SEQ ID NO 88 : oligonucléotide LF004
SEQ ID NO 89 : oligonucléotide LF005
SEQ ID NO 90 : oligonucléotide LF006
5 SEQ ID NO 91 : oligonucléotide LF007
SEQ ID NO 92 : oligonucléotide LF008
SEQ ID NO 93 : oligonucléotide LF009
SEQ ID NO 94 : oligonucléotide LF010
SEQ ID NO 95 : oligonucléotide LF011
10 SEQ ID NO 96 : oligonucléotide LF012
SEQ ID NO 97 : oligonucléotide LF013
SEQ ID NO 98 : oligonucléotide LF014
SEQ ID NO 99 : oligonucléotide LF015
SEQ ID NO 100 : oligonucléotide LF016
15 SEQ ID NO 101 : oligonucléotide LF017
SEQ ID NO 102 : oligonucléotide LF018
SEQ ID NO 103 : oligonucléotide LF054
SEQ ID NO 104 : oligonucléotide LF055
SEQ ID NO 105 : oligonucléotide LF056
20 SEQ ID NO 106 : oligonucléotide LF057

EXEMPLES :

- Pour chacun des pathogènes considérés, chaque gène codant pour les
25 principaux antigènes (forme native et forme modifiée) fait l'objet d'une
construction particulière dans un plasmide d'expression eucaryote. Les formes
secrétées des antigènes sont obtenues par délétion des fragments de gènes
codant pour les domaines trans-membranaires et cytoplasmiques. Dans tous les
cas, les domaines trans-membranaires des protéines sont identifiés sur la base
30 des profils d'hydropathie (sur MacVector 6.5) des séquences protéiques
correspondantes.

Exemple 1 : Méthodes de biologie moléculaire

5 1.1 Extraction d'ADN génomique viral

Des suspensions virales sont traitées par la protéinase K (100 mg/ml final) en présence de sodium dodécyl sulfate (SDS) (0.5% final) pendant 2 heures à 37 °C. L'ADN viral est ensuite extrait à l'aide d'un mélange phénol/chlorophorme, puis précipité avec deux volumes d'éthanol absolu à -20°C pendant 16 heures et
10 ensuite centrifugé à 10 000 g pendant 15 minutes à 4°C. Les culots d'ADN sont séchés, puis repris dans un volume minimum d'eau ultrapure stérile.

1.2 Isolement d'ARN génomique viral

L'ARN génomique de chaque virus est extrait en utilisant la technique du
15 " thiocyanate de guanidinium/phénol-chlorophorme " décrite par P. Chomczynski et N. Sacchi (Anal. Biochem. 1987. 162. 156-159).

1.3 Techniques de biologie moléculaire

Toutes les constructions de plasmides sont réalisées en utilisant les
20 techniques standard de biologie moléculaire décrites par Sambrook et al. (Molecular Cloning : A Laboratory Manual. 2nd Edition . Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, New York, 1989). Tous les fragments de restriction utilisés pour la présente invention sont isolés à l'aide du kit " GeneClean " (BIO101 Inc., La Jolla, CA). Pour toutes les constructions, les
25 fragments d'ADN clonés, ainsi que les jonctions avec le vecteur d'expression, sont séquencés par la méthode de Sanger (Sambrook et al. 1989).

1.4 PCR et RT-PCR

Les oligonucléotides spécifiques des gènes ou des fragments de gènes
30 clonés sont synthétisés, certains d'entre eux comportant dans certains cas à leur extrémité 5' des sites de restriction facilitant le clonage des fragments amplifiés.

Les réactions de transription inverse (RT) et l'amplification en chaîne par polymérase (PCR) sont effectuées selon des techniques standard (Sambrook *et al.* 1989).

5 1.5 Purification de plasmides à grande échelle

La production, à l'échelle de la dizaine de mg, de plasmides purifiés entrant dans les compositions vaccinales est effectuée par la méthode des gradients de chlorure de césium-bromure d'éthidium (Sambrook *et al.* 1989).

10

Exemple 2 : Constructions plasmidiques de base

Le plasmide d'expression eucaryote pVR1020 (C. J. Luke *et al.* J. of Infectious Diseases. 1997. 175. 95-97), dérivé du plasmide pVR1012 (Figure N° 1, figure 1 et exemple 7 de WO-A-9803199), contient la phase codante de la

15 séquence-signal de l'activateur du plasminogène tissulaire humain (tPA).

Un plasmide pVR1020 est modifié par digestion BamHI-BglII et insertion d'une séquence contenant plusieurs sites de clonage (BamHI, NotI, EcoRI, XbaI, PmlI, PstI, BglII) et résultant de l'appariement des oligonucléotides suivants :

PB326 (40 mer) (SEQ ID NO 1)

20 5' GATCTGCAGCACGTGTCTAGAGGATATCGAATTCGCGGCC 3' et

PB329 (40 mer) (SEQ ID NO 2)

5' GATCCGCGGCCGCGAATTCGATATCCTCTAGACACGTGCT 3'.

Le vecteur ainsi obtenu, d'une taille d'environ 5105 paires de bases (ou pb), est nommé pAB110 (Figure N° 2).

25 L'intron II du gène de la β -globine de lapin est cloné dans le vecteur pCRII (Invitrogen, Carlsbad, CA, USA) après obtention du fragment d'ADN correspondant par PCR à l'aide des oligonucléotides suivants :

SB090 (20 mer) (SEQ ID NO 3)

5' TTGGGGACCCTTGATTGTTC 3' et

30 SB091 (21 mer) (SEQ ID NO 4)

5' CTGTAGGAAAAAGAAGAAGGC 3'

en utilisant comme matrice l'ADN génomique de cellules du sang périphérique de lapin. Le plasmide résultant est désigné pNS050.

Le plasmide d'expression pAB110 est modifié par l'introduction de la séquence de l'intron II du gène de la globine du lapin dans le site Sall situé en amont de l'ATG du peptide signal de l'activateur du plasminogène tissulaire (tPA). La séquence de l'intron II du gène de la globine du lapin est amplifiée par amplification en chaîne par polymérase (ACP ou PCR) à partir du plasmide pNS050 en utilisant le couple d'oligonucléotides suivants :

LF001 (30 mer) (SEQ ID NO 5)

10 5' CTCCATGTCTGACTTGGGGACCCTTGATTGT 3' et

LF002 (30 mer) (SEQ ID NO 6)

5' CTCCATGTCTGACCTGTAGGAAAAAGAAGAA 3'

Le produit de PCR (573 paires de bases ou pb) est digéré par Sall et cloné dans le plasmide pAB110 préalablement linéarisé par Sall, pour générer le plasmide pLF999 d'environ 5678 pb.

Exemple 3 : Plasmides codant pour les différentes formes des antigènes du virus herpès bovin de type 1 (BHV-1)

20 Des fragments d'ADN viral contenant les gènes gB, gC et gD de la souche B901 de BHV-1 sont isolés en digérant le génome viral par différents enzymes de restriction, en les séparant par électrophorèse en gel d'agarose et en les analysant par Southern blot à l'aide de sondes correspondant à des fragments des gènes gB, gC et gD de la souche ST de BHV-1 (Leung-Tack P. *et al.* Virology. 1994. 199. 409-421). La souche BHV-1 Colorado [Cooper] (ATCC 25 numéro VR-864) peut également être utilisée. Les fragments ainsi identifiés sont clonés dans le vecteur pBluescript SK+ (Stratagene, La Jolla, CA, USA) et sont à l'origine des clonages des trois gènes dans le vecteur d'expression pVR1012.

3.1 Plasmides codant pour les différentes formes de BHV-1 gB

3.1.1 pPB280 : gène gB (forme native) cloné dans le vecteur pVR1012

Deux fragments XhoI-XhoI contenant les parties 5' et 3' du gène gB de
5 BHV-1 sont identifiés par Southern blot et clonés dans le vecteur pBluescript
SK+ (Stratagene, La Jolla, CA, USA) préalablement digéré par XhoI. Les
plasmides ainsi obtenus sont respectivement désignés pPB128 et pPB117.

Le plasmide pPB128, contenant le fragment 5' du gène gB, est digéré par
NotI et XhoI, générant un fragment de 1708 pb (fragment A).

10 Le plasmide pPB117, contenant la partie 3' du gène gB, est digéré par
XhoI et StuI, générant un fragment de 1345 pb. Ce dernier fragment est cloné
dans le vecteur pBluescript KS+ (Stratagene, La Jolla, CA, USA) préalablement
digéré par EcoRV et XhoI. Le plasmide résultant est nommé pPB279. Le
plasmide pPB279 est ensuite digéré par XhoI et BamHI, générant un fragment
15 d'ADN de 1413 pb (fragment B).

Les fragments A et B sont ensuite clonés dans un vecteur pBluescript KS+
digéré par NotI et BamHI, générant le plasmide pPB278 (environ 6063 pb) et
permettant la reconstitution du gène gB de BHV-1.

Le vecteur pPB278 sert ensuite de matrice lors d'une réaction de PCR
20 réalisée avec les oligonucléotides suivants :

PB234 (30 mer) (SEQ ID NO 7)

5' TTGTCGACATGGCCGCTCGCGGCGGTGCTG 3' et

PB235 (21 mer) (SEQ ID NO 8)

5' GCAGGGCAGCGGCTAGCGCGG 3'.

25 Le produit de PCR (146 pb) est ensuite digéré par les enzymes de
restriction Sall et NheI.

Le plasmide pPB278 est digéré par NheI et BamHI. Le fragment de 2728
pb ainsi obtenu et le fragment PCR précédemment digéré sont ligaturés dans le
vecteur pVR1012 (exemple 2) préalablement digéré par Sall et BamHI, générant
30 ainsi le plasmide pPB280, d'une taille d'environ 7742 pb.

Le gène gB de BHV-1 code pour une protéine de 933 acides aminés.

3.1.2 pPB281: gène gB (forme Δ [TM-Cter]) cloné dans le vecteur pVR1012

La forme tronquée (délétée de ses domaines transmembranaire (TM) et carboxy-terminal (Cter)) du gène gB de BHV-1 est obtenue en ligaturant dans le
 5 plasmide pVR1012 (exemple 2) prédigéré par Sall et BamHI, à la fois un fragment d'une taille de 2234 pb obtenu après digestion par Sall-PvuII du plasmide pPB280 (exemple 3.1.1) et un fragment de 56 pb obtenu par l'appariement des oligonucléotides suivants :

PB511 (52 mer) (SEQ ID NO 9)

10 5'CTGCACGAGCTCCGGTTCTACGACATTGACCGCGTGGTCAAGACGGACT
 GAG 3' et

PB512 (57 mer) (SEQ ID NO 10)

5'GATCCTCAGTCCGTCTTGACCACGCGGTCAATGTCGTAGAACCGGAGCTC
 GTGCAG 3'.

15 Le plasmide ainsi généré a une taille d'environ 7154 pb et est nommé pPB281. Le gène gB tronqué de BHV-1 code pour une protéine de 759 acides aminés.

3.1.3 pSB115 : gène gB (forme tPA Δ [TM-Cter]) cloné dans le vecteur

20 pAB110

La forme tPA Δ [TM-Cter] du gène gB de BHV-1 est amplifiée par PCR à partir de la matrice pPB281 (exemple 3.1.2) et à l'aide des amorces suivantes :

SB221 (39 mer) (SEQ ID NO 11)

5' AAAATTTTCGATATCCGCCGCGGGGCGACCGGCGACAACG 3' et

25 SB222 (33 mer) (SEQ ID NO 12)

5' GGAAGATCTTCAGTCCGTCTTGACCACGCGGTC 3'.

Le produit d'amplification (2088 pb) est digéré par les enzymes EcoRV et BglII et cloné dans le vecteur pAB110 (exemple 2) préalablement digéré par EcoRV et BglII, générant le plasmide pSB115, d'une taille d'environ 7154 pb.

La forme tPA Δ [TM-Cter] du gène gB code pour une glycoprotéine de 729 acides aminés, contenant le domaine extracellulaire de la glycoprotéine gB de BHV-1.

5 3.2. Plasmides codant pour les différentes formes de BHV-1 gC

3.2.1 pPB264 : gène gC (forme native) cloné dans le vecteur pVR1012

Un fragment BamHI-HindIII de 3,5 kb contenant le gène complet gC de BHV-1 est identifié par Southern blot et cloné dans le vecteur pBluescript SK+.

10 Le plasmide ainsi obtenu est nommé pPB287.

Le plasmide pPB287 est ensuite digéré par NcoI-BssSI. Un fragment de digestion d'une taille de 1492 pb est obtenu. Il est ligaturé avec un fragment d'ADN de synthèse obtenu par l'appariement des oligonucléotides suivants :

PB507 (37 mer) (SEQ ID NO 13)

15 5' TCGTGCCTGCGGCGCAAGGCCCGGGCGCGCCTGTAGT 3' et

PB508 (37 mer) (SEQ ID NO 14)

5' CTAGACTACAGGCGCGCCCGGGCCTTGCGCCGCAGGC 3',

dans le plasmide pLitmus 28 (New England Biolabs, Inc., Beverly, MA, USA) prédigéré par NcoI et XbaI, générant le plasmide intermédiaire pPB290.

20 Le fragment de 1554 pb issu de la digestion de pPB290 par PstI et XbaI est cloné dans le vecteur pVR1012 (exemple 2) préalablement digéré par PstI et XbaI, générant ainsi le plasmide pPB264, d'une taille d'environ 6427 pb. Le gène gC de BHV-1 code pour une protéine de 508 acides aminés.

25 3.2.2 pPB292 : gène gC (forme Δ [TM-Cter]) cloné dans le vecteur pVR1012

La forme tronquée du gène gC de BHV-1 est obtenue en ligaturant les trois fragments d'ADN suivants dans le vecteur pVR1012 (exemple 2) préalablement digéré par PstI et XbaI :

(a) un fragment de 1035 pb issu de la digestion de pPB264 (exemple

30 3.2.1) par PstI et XhoI,

Le gène E0 est synthétisé par une réaction de PCR à partir de la matrice pLF1030 (exemple 6.2.1.) et à l'aide du couple d'oligonucléotides suivants :

LF066 (42 mer) (SEQ ID NO 45)

5' CATGACGCGGCCGCTATGAGAAAGAAATTGGAGAAGGCACTG 3' et

5 LF067 (39 mer) (SEQ ID NO 46)

5' CATAACGATCTTCATGCTGCATGAGCACCAAACCATGC 3'.

Le fragment d'ADN d'environ 770 pb obtenu par digestion du produit de PCR par NotI et BglII est ligaturé avec un fragment de 5642 pb résultant de la digestion de pLF999 (exemple 2) par NotI et BglII pour générer le plasmide pLF1031 (environ 6417 pb).

Le gène E0 de BVDV-2 souche 890 ainsi modifié (β -globine tPA-E0) code pour une protéine de 283 acides aminés.

15 Exemple 7 : Plasmides codant pour les différentes formes des antigènes du virus parainfluenza bovin, de type 3, (bPI-3)

Les gènes codant pour les antigènes hemagglutinine-neuraminidase (HN) et fusion (F) du virus bPI-3 sont obtenus par RT-PCR à partir de l'ARN viral de la souche Reisinger SF-4 (accessible auprès de l'ATCC sous le numéro VR-281).

20

7.1 Plasmides codant pour les différentes formes de HN de la souche bPI-3 SF-4

7.1.1 pLF1024 : gène HN (forme native) cloné dans le vecteur pVR1012.

25 L'ADNc du gène HN de la souche SF-4 est synthétisé à partir de l'ARN viral correspondant à l'aide de l'amorce LF048 et amplifié par une réaction de PCR à l'aide du couple d'oligonucléotides suivants :

LF047 (39 mer) (SEQ ID NO 47)

5' CATATCGTCGACATGGAATATTGGAAACACACAAACAGC 3' et

30 LF048 (38 mer) (SEQ ID NO 48)

5' CATGACGATATCTAGCTGCAGTTTTTCGGAAGTTCTGT 3'.

(b) un fragment de 350 pb issu de la digestion par XhoI et BanI de pPB264 et

(c) un fragment de synthèse de 43 pb résultant de l'appariement des oligonucléotides PB513 et PB514.

5 Ces oligonucléotides sont les suivants :

PB513 (43 mer) (SEQ ID NO 15)

5' GCACCGCTGCCCCGAGTTCTCCGCGACCGCCACGTACGACTAGT 3' et

PB514 (43 mer) (SEQ ID NO 16)

5' CTAGACTAGTCGTACGTGGCGGTCGCGGAGAACTCGGGCAGCG 3'.

10 Le plasmide d'une taille d'environ 6305 pb, ainsi obtenu, est nommé pPB292. Le gène gC tronqué de BHV-1 code pour une protéine de 466 acides aminés.

3.2.3 pSB116 : gène gC (forme tPA Δ [TM-Cter]) cloné dans le vecteur pAB110

15 La forme tPA Δ [TM-Cter] du gène gC de BHV-1 est amplifiée par PCR à partir de la matrice pPB292 (exemple 3.2.2) et à l'aide des amorces suivantes :

SB223 (39 mer) (SEQ ID NO 17)

5' AAAATTTTCGATATCCCGGCGGGGGCTCGCCGAGGAGGCG 3' et

20 SB224 (32 mer) (SEQ ID NO 18)

5' GGAAGATCTCTAGTCGTACGTGGCGGTCGCGG 3'.

Le produit d'amplification (1362 pb) est digéré par les enzymes EcoRV et BglII et cloné dans le vecteur pAB110 (exemple 2) préalablement digéré par EcoRV et BglII, générant le plasmide pSB116, d'une taille d'environ 6404 pb.

25 La forme tPA Δ [TM-Cter] du gène gC code pour une glycoprotéine de 479 acides aminés, contenant le domaine extracellulaire de la glycoprotéine gC de BHV-1.

3.3 Plasmides codant pour les différentes formes de BHV-1 gD

30

3.3.1 pPB148 : gène gD (forme native) cloné dans le vecteur pVR1012

Un fragment XhoI-XhoI de 5 kb contenant le gène gD de BHV-1 est identifié par Southern blot et cloné dans le vecteur pBluescript SK+ prédigéré par XhoI, générant le plasmide pPB147.

Un fragment de 325 pb issu de la digestion de pPB147 par NdeI et BsrBI et un fragment de 943 pb issu de la digestion de pPB147 par NdeI et Styl sont ensuite ligaturés dans le vecteur pVR1012 (exemple 2) prédigéré par EcoRV et XbaI, générant ainsi le plasmide pPB148, d'une taille d'environ 6171 pb. Le gène gD de BHV-1 code pour une protéine de 417 acides aminés.

10 3.3.2 pPB284 : gène gD (forme Δ [TM-Cter]) cloné dans le vecteur pVR1012

Le gène gD tronqué de BHV-1 est obtenu à partir d'un fragment obtenu après amplification par PCR réalisée sur l'ADN génomique de la souche B901 du virus BHV-1 préalablement digéré par PstI et XbaI et à l'aide du couple d'amorces suivantes :

15 PB497 (33 mer) (SEQ ID NO 19)
5' TTTCTGCAGATGCAAGGGCCGACATTGGCCGTG 3' et
PB498 (31 mer) (SEQ ID NO 20)
5' TTTCTAGATTAGGGCGTAGCGGGGGCGGGCG 3'.

Ce fragment de PCR est ensuite cloné dans le plasmide pVR1012 (exemple 2) préalablement digéré par PstI et XbaI, générant le plasmide pPB284, d'une taille d'environ 5943 pb. Le gène gD tronqué de BHV-1 code pour une protéine de 355 acides aminés.

25 3.3.3 pSB117 : gène gD (forme tPA Δ [TM-Cter]) cloné dans le vecteur pAB110

La forme tPA Δ [TM-Cter] du gène gD de BHV-1 est amplifiée par PCR à partir de la matrice pPB284 (exemple 3.3.2) et à l'aide des amorces suivantes :

SB225 (39 mer) (SEQ ID NO 21)
5' AAAATTTTCGATATCCCCCGCGCCGCGGGTGACGGTATAC 3' et
30 SB226 (33 mer) (SEQ ID NO 22)
5' GGAAGATCTTTAGGGCGTAGCGGGGGCGGGCGG 3'.

Le produit d'amplification (1029 pb) est digéré par les enzymes EcoRV et BglII et cloné dans le vecteur pAB110 (exemple 2) préalablement digéré par EcoRV et BglII, générant le plasmide pSB117, d'une taille d'environ 6071 pb.

La forme tPA Δ [TM-Cter] du gène gD code pour une glycoprotéine de 368
5 acides aminés, contenant le domaine extracellulaire de la glycoprotéine gD de BHV-1.

Exemple 4 : Plasmides codant pour les différentes formes des antigènes du virus respiratoire syncytial bovin (BRSV)

10 Les gènes codant pour les antigènes F et G du virus BRSV sont obtenus par RT-PCR à partir de l'ARN viral de la souche Snook (Thomas *et al.* Research in Vet. Science. 1982. 33. 170-182). La souche BRSV A 51908 (ATCC numéro VR-794) peut également être utilisée.

15 4.1 Plasmides codant pour les différentes formes de BRSV-F

4.1.1 pSB107 : gène F (forme native) cloné dans le vecteur pVR1012

Le gène F de la souche Snook de BRSV est amplifié par RT-PCR en utilisant l'ARN viral comme matrice et à l'aide des amorces suivantes :

20 SB210 (34 mer) (SEQ ID NO 23)
5' AAATTTTCTGCAGATGGCGACAACAGCCATGAGG 3' et
SB211 (35 mer) (SEQ ID NO 24)
5' TTAAGGATCCTCATTTACTAAAGGAAAGATTGTTG 3'.

Le produit d'amplification, d'une taille de 1739 pb, est digéré par les
25 enzymes PstI et BamHI et cloné dans le vecteur pVR1012 (exemple 2) préalablement digéré par PstI et BamHI, générant ainsi le plasmide pSB107, d'une taille d'environ 6583 pb.

Le gène F du virus BRSV code pour une protéine de 574 acides aminés.

30 4.1.2 pSB108 : gène F (forme Δ [TM-Cter]) cloné dans le vecteur pVR1012

La forme tronquée du gène F de la souche Snook de BRSV est amplifiée par RT-PCR en utilisant l'ARN viral comme matrice et à l'aide des amorces suivantes :

SB210 (SEQ ID NO 23) et

5 SB212 (39 mer) (SEQ ID NO 25)

5' AATTTTGGATCCTCATGTGGTGGATTTTCCTACATCTAC 3'.

Le produit d'amplification (1581 pb) est digéré par les enzymes PstI et BamHI et cloné dans le vecteur pVR1012 (exemple 2) préalablement digéré par PstI et BamHI, générant le plasmide pSB108, d'une taille d'environ 6430 pb.

10 La forme tronquée du gène F code pour une glycoprotéine de 523 acides aminés, contenant le domaine extracellulaire de la glycoprotéine F de BRSV.

4.1.3 pSB114 : gène F (forme tPA Δ [TM-Cter]) cloné dans le vecteur pAB110

La forme tPA Δ [TM-Cter] du gène F de la souche Snook de BRSV est
15 amplifiée par RT-PCR en utilisant l'ARN viral comme matrice et à l'aide des amorces suivantes :

SB212 (SEQ ID NO 25) et

SB220 (38 mer) (SEQ ID NO 26)

5' AAAATTCACGTGAACATAACAGAAGAATTTTATCAATC 3'.

20 Le produit d'amplification (1516 pb) est digéré par les enzymes PmlI et BglII et cloné dans le vecteur pAB110 (exemple 2) préalablement digéré par PmlI et BglII, générant le plasmide pSB114, d'une taille d'environ 6572 pb.

La forme tPA Δ [TM-Cter] du gène F code pour une glycoprotéine de 535 acides aminés, contenant le domaine extracellulaire de la glycoprotéine F de
25 BRSV.

4.2 Plasmides codant pour les différentes formes de BRSV-G

Dans le cas de la protéine G du BRSV (glycoprotéine de type II), la séquence-signal et la séquence trans-membranaire sont confondues,
30 nécessitant l'addition d'une séquence signal en amont de la séquence

correspondant au domaine extracellulaire lors de la délétion du domaine transmembranaire.

Le plasmide pAB110 (exemple 2) est utilisé pour la construction des plasmides contenant la formes tronquée du gène codant pour la protéine G de
5 BRSV.

4.2.1 pSB109 : gène G (forme native) cloné dans le vecteur pVR1012

Le gène G de la souche Snook de BRSV est amplifié par RT-PCR en utilisant l'ARN viral comme matrice et à l'aide des amorces suivantes :

10 SB213 (32 mer) (SEQ ID NO 27)

5' ACGCGTCGACATGTCCAACCATACCCATCATC 3' et

SB214 (38 mer) (SEQ ID NO 28)

5' TTAAAATCTAGATTAGATCTGTGTAGTTGATTGATTG 3'.

Le produit d'amplification (784 pb) est digéré par les enzymes Sall et XbaI
15 et cloné dans le vecteur pVR1012 (exemple 2) préalablement digéré par Sall et XbaI, générant le plasmide pSB109, d'une taille d'environ 5661 pb.

Le gène G de BRSV code pour un glycoprotéine de 257 acides aminés.

4.2.2 pSB110 : gène G (forme tPA Δ [TM-Cter]) cloné dans le vecteur pAB110

20 La forme tronquée du gène G de la souche Snook de BRSV est amplifiée par RT-PCR en utilisant l'ARN viral comme matrice et à l'aide des amorces suivantes :

SB215 (33 mer) (SEQ ID NO 29)

5' TTTTAAGGATCCGCTAAAGCCAAGCCCACATCC 3' et

25 SB216 (33 mer) (SEQ ID NO 30)

5' TTAAAATCTAGATTAGATCTGTGTAGTTGATTG 3'.

Le produit d'amplification (666 pb) est digéré par les enzymes BamHI et XbaI et cloné dans le vecteur pAB110(exemple 2) préalablement digéré par BamHI et XbaI, générant le plasmide pSB110, d'une taille d'environ 5660 pb.

30 La forme tPA Δ [TM-Cter] du gène G du virus BRSV code pour une glycoprotéine de 218 acides aminés, contenant le domaine extracellulaire de la

glycoprotéine G, mais précédée par la séquence signal de l'activateur du plasminogène tissulaire.

Exemple 5 : Plasmides codant pour les différentes formes des antigènes du virus de la maladie des muqueuses de type 1 des bovins (BVDV-1)

Les gènes codant pour les antigènes E0 (glycoprotéine de 48 kDa ou gp48) et E2 (gp53) des virus BVDV de type 1 sont obtenus par RT-PCR à partir de l'ARN viral de la souche Osloss (L. De Moerlooze *et al.* J. Gen. Virol. 1993. 74. 1433-1438 ; A. Renard *et al.*, DNA, 1985, 4, 439-438 ; A. Renard *et al.*, Ann. Rech. Vet., 1987, 18, 121-125). Les souches NADL (ATCC VR-534) ou New York (ATCC VR-524) peuvent également être utilisées.

5.1 Plasmides codant pour les différentes formes de E0 de la souche BVDV de type 1 Osloss

5.1.1 pLF1028 : gène E0 (forme native) cloné dans le vecteur pVR1012.

L'ADN complémentaire (ADNc) du gène E0 de la souche Osloss est synthétisé à partir de l'ARN viral correspondant à l'aide de l'amorce LF051 et amplifié par une réaction de PCR à l'aide du couple d'oligonucléotides suivants :

LF050 (36 mer) (SEQ ID NO 31)

5' CATACCGTCGACATGAAGAACTAGAGAAAGCCCTG 3' et

LF051 (40 mer) (SEQ ID NO 32)

5' CATACCGGATCCTCAGGCTGCATATGCCCCAAACCATGTC 3'.

Le fragment d'ADN d'environ 765 pb obtenu par digestion du produit de PCR par Sall et BamHI est ligaturé avec un fragment de 4866 pb résultant de la digestion de pVR1012 (exemple 2) par Sall et BamHI pour générer le plasmide pLF1028 (environ 5636 pb). Le gène E0 de BVDV-1 souche Osloss code pour une protéine de 252 acides aminés.

Un codon ATG est introduit dans la séquence de l'oligonucléotide LF050 de façon à permettre l'initiation de la traduction du polypeptide E0 recombinant correspondant.

5.1.2 pLF1029 : gène E0 , forme (β -globine tPA-E0) cloné dans le vecteur pLF999.

Le gène E0 est synthétisé par une réaction de PCR à partir de la matrice pLF1028 (exemple 5.1.1.) et à l'aide du couple d'oligonucléotides suivants :

5' LF052 (39 mer) (SEQ ID NO 33)

5' CATGACGCGGCCGCTATGAAGAACTAGAGAAAGCCCTG 3' et

LF053 (40 mer) (SEQ ID NO 34)

5' CATGACAGATCTTTAGGCTGCATATGCCCCAAACCATGTC 3'.

Le fragment d'ADN d'environ 770 pb obtenu par digestion du produit de PCR par NotI et BglII est ligaturé avec un fragment de 5642 pb résultant de la digestion de pLF999 (exemple 2) par NotI et BglII pour générer le plasmide pLF1029 (environ 6417 pb).

Le gène E0 de BVDV-1 souche Osloss ainsi modifié (β -globine tPA-E0) code pour une protéine de 283 acides aminés.

15

5.2 Plasmides codant pour les différentes formes de E2 de la souche BVDV de type 1 Osloss

5.2.1 pLF1020 : gène E2 (forme native) cloné dans le vecteur pVR1012.

20 L'ADNc du gène E2 de la souche Osloss est synthétisé à partir de l'ARN viral correspondant à l'aide de l'amorce LF040 et amplifié par une réaction de PCR à l'aide du couple d'oligonucléotides suivants :

LF039 (33 mer) (SEQ ID NO 35)

5' CATGACGTCGACATGACGACTACTGCATTCCTG 3' et

25 LF040 (36 mer) (SEQ ID NO 36)

5' CATGACAGATCTTCAACGTCCCGAGGTCATTTGTTC 3'.

Le fragment d'ADN de 1235 pb obtenu par digestion du produit de PCR par Sall et BglII est ligaturé avec un fragment de 4860 pb résultant de la digestion de pVR1012 (exemple 2) par Sall et BglII pour générer le plasmide pLF1020 (environ 6100 pb).

30

Le gène E2 de BVDV-1 souche Osloss code pour une protéine de 409 acides aminés.

Un codon ATG est introduit dans la séquence de l'oligonucléotide LF039 de façon à permettre l'initiation de la traduction du polypeptide E2 recombinant
5 correspondant.

5.2.2 pLF1021 : gène E2, forme (β -globine tPA-E2 Δ [TM+Cter]) cloné dans le vecteur pLF999.

Le gène E2 délété de ses domaines transmembranaire et carboxy-
10 terminal est synthétisé par une réaction de PCR à partir de la matrice pLF1020 (exemple 5.2.1) et à l'aide du couple d'oligonucléotides suivants :

LF041 (36 mer) (SEQ ID NO 37)

5' CATGACGCGGCCGCTATGACGACTACTGCATTCCTG 3' et

LF042 (35 mer) (SEQ ID NO 38)

15 5' CATGACAGATCTCAAGCGAAGTAATCCCGGTGGTG 3'.

Le fragment d'ADN de 1132 pb obtenu par digestion du produit de PCR par NotI et BglII est ligaturé avec un fragment de 5642 pb résultant de la digestion de pLF999 (exemple 2) par NotI et BglII pour générer le plasmide pLF1021 (environ 6779 pb).

20 Le gène E2 de BVDB-1 souche Osloss ainsi modifié (β -globine tPA-E2 Δ [TM+Cter]) code pour une protéine de 404 acides aminés.

Exemple 6 : Plasmides codant pour les différentes formes des antigènes du virus de la maladie des muqueuses de type 2 des bovins (BVDV-2)

25 Les gènes codant pour l'antigène E2 (gp53) des virus BVDV de type 2 sont obtenus par RT-PCR à partir de l'ARN viral de la souche 890 (J. F. Ridpath et S. R. Bolin, Virology, 1995, **212**, 39-46). La souche Q140 est également utilisable et peut être obtenue auprès du Ministère de l'Agriculture, des pêcheries et de l'alimentation du Québec (MAPAQ), Institut Armand-Frappier (P. Tijssen *et al.*, Virology, 1996, **217**, 356-361). Les souches 1373 et 296 sont également
30

utilisables (J. F. Ridpath, BVDV Research Project, National Animal Disease Center, 2300 Dayton Avenue, Ames, USA).

6.1 Plasmides codant pour les différentes formes de E2 de la souche de type 2 - 890

6.1.1 pLF1022 : gène E2 (forme native) cloné dans le vecteur pVR1012.

L'ADNc du gène E2 de la souche 890 est synthétisé à partir de l'ARN viral correspondant à l'aide de l'amorce LF044 et amplifié par une réaction de PCR à l'aide du couple d'oligonucléotides suivants :

LF043 (36 mer) (SEQ ID NO 39)

5' ACTGTATCTAGAATGACCACCACAGCTTTCCTAATC 3' et

LF044 (39 mer) (SEQ ID NO 40)

5' ACTGTAAGATCTTTAAGTATTCACCTCCAGCACCCATAGC 3'.

Le fragment d'ADN d'environ 1240 pb obtenu par digestion du produit de PCR par XbaI et BglII est ligaturé avec un fragment de 4891 pb résultant de la digestion de pVR1012 (exemple 2) par XbaI et BglII pour générer le plasmide pLF1022 (environ 6136 pb).

Le gène E2 de BVDB-2 souche 890 code pour une protéine de 410 acides aminés.

Un codon ATG est introduit dans la séquence de l'oligonucléotide LF043 de façon à permettre l'initiation de la traduction du polypeptide E2 recombinant correspondant.

6.1.2 pLF1023 : gène E2 , forme (β -globine tPA-E2 Δ [TM+Cter]) cloné dans le vecteur pLF999

Le gène E2 délété de ses domaines transmembranaire et carboxy-terminal est synthétisé par une réaction de PCR à partir de la matrice pLF1022 (exemple 6.2.1) et à l'aide du couple d'oligonucléotides suivants :

LF045 (41 mer) (SEQ ID NO 41)

5' CATGACGCGGCCGCCCTATGACCACCACAGCTTTCCTAATC 3' et

LF046 (36 mer) (SEQ ID NO 42)

5' CATGACAGATCTTTATATGAACTCTGAGAAGTAGTC 3'.

Le fragment d'ADN d'environ 1140 pb obtenu par digestion du produit de PCR par NotI et BglII est ligaturé avec un fragment de 5642 pb résultant de la digestion de pLF999 (exemple 2) par NotI et BglII pour générer le plasmide pLF1023 (environ 6787 pb).

Le gène E2 de BVDV-2 souche 890 ainsi modifié (β -globine tPA-E2 Δ [TM+Cter]) code pour une protéine de 405 acides aminés.

10 6.2 Plasmides codant pour les différentes formes de E0 de la souche de type 2 - 890

6.2.1 pLF1030 : gène E0 (forme native) cloné dans le vecteur pVR1012.

L'ADNc du gène E0 de la souche 890 est synthétisé à partir de l'ARN viral correspondant à l'aide de l'amorce LF065 et amplifié par une réaction de PCR à l'aide du couple d'oligonucléotides suivants :

LF064 (39 mer) (SEQ ID NO 43)

5' CATACCGTCGACATGAGAAAGAAATTGGAGAAGGCACTG 3' et

LF065 (39 mer) (SEQ ID NO 44)

20 5' CATACCGGATCCTCATGCTGCATGAGCACCAAACCATGC 3'.

Le fragment d'ADN d'environ 768 pb obtenu par digestion du produit de PCR par Sall et BamHI est ligaturé avec un fragment de 4866 pb résultant de la digestion de pVR1012 (exemple 2) par Sall et BamHI pour générer le plasmide pLF1030 (environ 5639 pb). Le gène E0 de BVDV-2 souche 890 code pour une protéine de 253 acides aminés.

Un codon ATG est introduit dans la séquence de l'oligonucléotide LF064 de façon à permettre l'initiation de la traduction du polypeptide E0 recombinant correspondant.

30 6.2.2 pLF1031 : gène E0 , forme (β -globine tPA-E0) cloné dans le vecteur pLF999.

Le fragment d'ADN de 1726 pb obtenu par digestion du produit de PCR par Sall et EcoRV est ligaturé avec un fragment de 4896 pb résultant de la digestion de pVR1012 (exemple 2) par Sall et EcoRV pour générer le plasmide pLF1024 (environ 6619 pb).

- 5 Le gène HN de bPI-3 code pour une protéine de 572 acides aminés.

7.1.2 pLF1025 : gène HN, forme (β -globine tPA-E2 Δ [TM]) cloné dans le vecteur pLF999

- 10 Le gène HN délété de son domaine transmembranaire est synthétisé par une réaction de PCR à partir de la matrice pLF1024 (exemple 7.1.1) à l'aide du couple d'oligonucléotides suivants :

LF058 (33 mer) (SEQ ID NO 49)

5' CATACTGCGGCCGCTTTAATTCAAGAGACAAT 3' et

LF059 (35 mer) (SEQ ID NO 50)

- 15 5' CATATCGATATCTAGCTGCAGTTTTTCGGAAGCTTC 3'.

Le fragment d'ADN de 1566 pb obtenu par digestion du produit de PCR par NotI et EcoRV est ligaturé avec un fragment de 5663 pb résultant de la digestion de pLF999 (exemple 2) par NotI et EcoRV pour générer le plasmide pLF1025 (environ 7229 pb).

- 20 Le gène HN de bPI-3 ainsi modifié (β -globine tPA-E2 Δ [TM]) code pour une protéine de 548 acides aminés.

7.2 Plasmides codant pour les différentes formes de F de la souche bPI-3

- 25 SF-4

7.2.1 pLF1026 : gène F (forme native) cloné dans le vecteur pVR1012.

L'ADNc du gène F de la souche SF-4 est synthétisé à partir de l'ARN viral correspondant à l'aide de l'amorce LF061 et amplifié par une réaction de PCR à

- 30 l'aide du couple d'oligonucléotides suivants :

LF060 (36 mer) (SEQ ID NO 51)

5' CATATCGTCGACATGATCATCACAAACACAATCATA 3' et
LF061 (36 mer) (SEQ ID NO 52)

5' CATGACCAGATCTTATTGTCTATTTGTCAGTATATA 3'.

Le fragment d'ADN de 1628 pb obtenu par digestion du produit de PCR
5 par Sall et BglII est ligaturé avec un fragment de 4860 pb résultant de la
digestion de pVR1012 (exemple 2) par Sall et BglII pour générer le plasmide
pLF1026 (environ 6488 pb).

Le gène F de bPI-3 code pour une protéine de 550 acides aminés.

10 7.2.2 pLF1027 : gène F, forme (β -globine tPA-F Δ [TM+Cter]) cloné dans le vecteur pLF999

Le gène F délété de ses domaines transmembranaire et C-terminal est
synthétisé par une réaction de PCR à partir de la matrice pLF1026 (exemple
7.2.1) et à l'aide du couple d'oligonucléotides suivants :

15 LF062 (42 mer) (SEQ ID NO 53)

5' CATACTGCGGCCGCTCAAATAGACATAACAAAACCTGCAACGT 3' et

LF063 (41 mer) (SEQ ID NO 54)

5' CATATCGATATCTATGCACTAGATTGATACCAACTTCCAAC 3'.

Le fragment d'ADN de 1434 pb obtenu par digestion du produit de PCR
20 par NotI et EcoRV est ligaturé avec un fragment de 5663 pb résultant de la
digestion de pLF999 (exemple 2) par NotI et EcoRV pour générer le plasmide
pLF1027 (environ 7097 pb).

Le gène F de bPI-3 ainsi modifié (β -globine tPA-F Δ [TM+Cter]) code pour
une protéine de 504 acides aminés.

25

Exemple 8 : Plasmides codant pour les différentes formes des antigènes du virus de la pseudorage (PRV)

Les gènes codant pour les glycoprotéines gB, gC et gD de PRV sont obtenus par
PCR à partir de l'ADN viral de la souche NIA3 (M. Rivière *et al.* J. Virol. 66. 3424-
30 3434 ; A. Baskerville *et al.*, The Veterinary Bulletin, 1973, 43 n°9). Des mutants
de la souche NIA3 de PRV peuvent également être utilisés et sont décrits dans

US-A-4,680,176 et déposés auprès de la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes (CNCM), Institut Pasteur, Paris, France, sous les références I-351 et I-352.

5 8.1. Plasmides codant pour les différentes formes de PRV-gB

8.1.1 pSB101 : gène gB (forme native) cloné dans le vecteur pVR1012

Le gène gB de la souche NIA3 de PRV est amplifié par PCR en utilisant l'ADN viral comme matrice et à l'aide des amorces suivantes :

10 SB201 (36 mer) (SEQ ID NO 55)

5' TTTTAAGATATCATGCCCCGCTGGTGGCGGTCTTTGG 3' et

SB202 (39 mer) (SEQ ID NO 56)

5' TTTTAAGGATCCCTACAGGGCGTCGGGGTCCTCGCTCTC 3'.

Le produit d'amplification (2766 pb) est digéré par les enzymes EcoRV et
15 BamHI et cloné dans le vecteur pVR1012 (exemple 2) préalablement digéré par EcoRV et BamHI, générant le plasmide pSB101, d'une taille d'environ 7631 pb.

Le gène gB de PRV code pour une glycoprotéine de 913 acides aminés.

8.1.2 pSB102 : gène gB (forme Δ [TM-Cter]) cloné dans le vecteur pVR1012

20 La forme tronquée du gène gB de la souche NIA3 de PRV est amplifiée par PCR en utilisant l'ADN viral comme matrice et à l'aide des amorces suivantes :

SB201 (SEQ ID NO 55) et

SB203 (39 mer) (SEQ ID NO 57)

25 5' TTTTAAGGATCCCTAGTGGTCCACCTTGACCACGCGGTC 3'.

Le produit d'amplification (2262 pb) est digéré par les enzymes EcoRV et BamHI et cloné dans le vecteur pVR1012 (exemple 2) préalablement digéré par EcoRV et BamHI, générant le plasmide pSB102, d'une taille d'environ 7142 pb.

La forme tronquée (Δ [TM-Cter]) du gène gB code pour une glycoprotéine
30 de 750 acides aminés, contenant le domaine extracellulaire de la glycoprotéine gB de PRV.

8.1.3 pNS009 : gène gB (forme tPA Δ [TM-Cter]) cloné dans le vecteur pAB110

La forme tPA Δ [TM-Cter] du gène gB de la souche NIA3 de PRV est amplifiée par PCR à partir de la matrice pSB101 (exemple 8.1.1) et à l'aide des amorces suivantes :

SB203 (SEQ ID NO 57) et

SB217 (39 mer) (SEQ ID NO 58)

5' AAAATTTTCGATATCCACCTCGGCCTCGCCGACGCCCCGGG 3'.

Le produit d'amplification (2088 pb) est digéré par les enzymes EcoRV et BglII et cloné dans le vecteur pAB110 (exemple 2) préalablement digéré par EcoRV et BglII, générant le plasmide pNS009, d'une taille d'environ 7127 pb.

La forme tPA Δ [TM-Cter] du gène gB code pour une glycoprotéine de 720 acides aminés, contenant le domaine extracellulaire de la glycoprotéine gB de PRV.

8.2 Plasmides codant pour les différentes formes de PRV-gC

8.2.1 pSB103 : gène gC (forme native) cloné dans le vecteur pVR1012

Le gène gC de la souche NIA3 de PRV est amplifié par PCR en utilisant l'ADN viral comme matrice et à l'aide des amorces suivantes :

SB204 (36 mer) (SEQ ID NO 59)

5' TTTTAAGATATCATGGCCTCGCTCGCGCGTGCGATG 3' et

SB205 (37 mer) (SEQ ID NO 60)

5' TTTTAAAGATCTTTAAGCCCCGCGCTGGCGGTAGTAG 3'.

Le produit d'amplification (1452 pb) est digéré par les enzymes EcoRV et BglII et cloné dans le vecteur pVR1012 (exemple 2) préalablement digéré par EcoRV et BglII, générant le plasmide pSB103, d'une taille d'environ 6323 pb.

Le gène gC de PRV code pour une glycoprotéine de 479 acides aminés.

8.2.2 pSB104 : gène gC (forme Δ [TM-Cter]) cloné dans le vecteur pVR1012

La forme tronquée du gène gC de la souche NIA3 de PRV est amplifiée par PCR en utilisant l'ADN viral comme matrice et à l'aide des amorces suivantes :

SB204 (SEQ ID NO 59) et

5 SB206 (36 mer) (SEQ ID NO 61)

5' TTTTAAAGATCTTTAGGGGGAGGCGTCGTAGCGCTG 3'.

Le produit d'amplification (1332 pb) est digéré par les enzymes EcoRV et BglII et cloné dans le vecteur pVR1012 (exemple 2) préalablement digéré par EcoRV et BglII, générant le plasmide pSB104, d'une taille d'environ 6206 pb.

10 La forme tronquée (Δ [TM-Cter]) du gène gC code pour une glycoprotéine de 440 acides aminés, contenant le domaine extracellulaire de la glycoprotéine gC de PRV.

8.2.3 pNS012 : gène gC (forme tPA Δ [TM-Cter]) cloné dans le vecteur

15 pAB110

La forme tPA Δ [TM-Cter] du gène gC de la souche NIA3 de PRV est amplifiée par PCR à partir de la matrice pSB103 (exemple 8.2.1) et à l'aide des amorces suivantes :

SB206 (SEQ ID NO 61) et

20 SB218 (39 mer) (SEQ ID NO 62)

5' AAAATTTTCGATATCCACGGCGCTCGGCACGACGCCCAAC 3'.

Le produit d'amplification (1270 pb) est digéré par les enzymes EcoRV et BglII et cloné dans le vecteur pAB110 (exemple 2) préalablement digéré par EcoRV et BglII, générant le plasmide pNS012, d'une taille d'environ 6311 pb.

25 La forme tPA Δ [TM-Cter] du gène gC code pour une glycoprotéine de 448 acides aminés, contenant le domaine extracellulaire de la glycoprotéine gC de PRV.

8.3 Plasmides codant pour les différentes formes de PRV-gD

30

8.3.1 pSB105 : gène gD (forme native) cloné dans le vecteur pVR1012

Le gène gD de la souche NIA3 de PRV est amplifié par PCR en utilisant l'ADN viral comme matrice et à l'aide des amorces suivantes :

SB207 (36 mer) (SEQ ID NO 63)

5' AATTTTGGATATCATGCTGCTCGCAGCGCTATTGGCG 3' et

5 SB208 (36 mer) (SEQ ID NO 64)

5' AATTTTGGATCCCTACGGACCGGGCTGCGCTTTTAG 3'.

Le produit d'amplification (1227 pb) est digéré par les enzymes EcoRV et BamHI et cloné dans le vecteur pVR1012 (exemple 2) préalablement digéré par EcoRV et BamHI, générant le plasmide pSB105, d'une taille d'environ 6104 pb.

10 Le gène gD de PRV code pour une glycoprotéine de 404 acides aminés.

8.3.2 pSB106 : gène gD (forme Δ [TM-Cter]) cloné dans le vecteur pVR1012

La forme tronquée du gène gD de la souche NIA3 de PRV est amplifiée par PCR en utilisant l'ADN viral comme matrice et à l'aide des amorces
15 suivantes :

SB207 (SEQ ID NO 63) et

SB209 (40 mer) (SEQ ID NO 65)

5' AAATTTTGGATCCCTAGCGGTGGCGCGAGACGCCCGGCGC 3'.

20 Le produit d'amplification (1077 pb) est digéré par les enzymes EcoRV et BamHI et cloné dans le vecteur pVR1012 (exemple 2) préalablement digéré par EcoRV et BamHI, générant le plasmide pSB106 d'une taille d'environ 5957 pb.

La forme tronquée (Δ [TM-Cter]) du gène gD code pour une glycoprotéine de 355 acides aminés, contenant le domaine extracellulaire de la glycoprotéine gD de PRV.

25

8.3.3 pPB238 : gène gD (forme tPA Δ [TM-Cter]) cloné dans le vecteur pAB110

La forme tPA Δ [TM-Cter] du gène gD de la souche NIA3 de PRV est amplifiée par PCR à partir de la matrice pSB105 (exemple 8.3.1) et à l'aide des
30 amorces suivantes :

SB209 (SEQ ID NO 65) et

SB219 (39 mer) (SEQ ID NO 66)

5' AAAATTTTCGATATCCACCTTCCCCCGCCCGCGTACCCG 3'.

Le produit d'amplification (1015 pb) est digéré par les enzymes EcoRV et BamHI et cloné dans le vecteur pAB110 (exemple 2) préalablement digéré par EcoRV et BglII, générant le plasmide pPB238, d'une taille d'environ 6056 pb.

La forme tPA Δ [TM-Cter] du gène gD code pour une glycoprotéine de 363 acides aminés, contenant le domaine extracellulaire de la glycoprotéine gD de PRV.

10 Exemple 9 : Plasmides codant pour les différentes formes des antigènes du virus du syndrome respiratoire et reproducteur porcin (PRRSV), souche Lelystad

Les gènes codant pour les protéines COL3, COL5 et COL6 de PRRSV sont obtenus par RT-PCR à partir de l'ARN viral de la souche Lelystad (J. Meulenberg *et al.* Virology. 1993. 19. 62-72 ; WO-A-92-21375), déposée le 5 juin 1991 auprès de la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes (CNCM), Institut Pasteur, Paris, France, sous la référence I-1102.

20 9.1 Plasmides codant pour les différentes formes du COL3 de la souche PRRSV Lelystad

9.1.1 pLF1009 : gène COL3 (forme native) cloné dans le vecteur pVR1012.

L'ADNc du gène COL3 de la souche Lelystad est synthétisé à partir de l'ARN viral correspondant à l'aide de l'amorce LF028 et amplifié par une réaction de PCR à l'aide du couple d'oligonucléotides suivants :

LF027 (30 mer) (SEQ ID NO 67)

5' CACTACGATATCATGGCTCATCAGTGTGCA 3' et

LF028 (30 mer) (SEQ ID NO 68)

5' CACTACAGATCTTTATCGTGATGTACTGGG 3'.

30 Le fragment d'ADN de 802 pb obtenu par digestion du produit de PCR par EcoRV et BglIII est ligaturé avec un fragment de 4879 pb résultant de la

digestion de pVR1012 (exemple 2) par EcoRV et BglIII pour générer le plasmide pLF1009 d'une taille d'environ 5681 pb.

Le gène COL3 de PRRSV Lelystad code pour une protéine de 265 acides aminés.

5

9.2 Plasmides codant pour les différentes formes du COL5 de la souche PRRSV Lelystad

9.2.1 pLF1011 : gène COL5 (forme native) cloné dans le vecteur pVR1012.

10 L'ADNc du gène COL5 de la souche Lelystad est synthétisé à partir de l'ARN viral correspondant à l'aide de l'amorce LF020 et amplifié par une réaction de PCR à l'aide du couple d'oligonucléotides suivants :

LF019 (30 mer) (SEQ ID NO 69)

5' CTCACCGTCGACATGAGATGTTCTCACAAA 3' et

15 LF020 (30 mer) (SEQ ID NO 70)

5' CTCACCTCTAGACTAGGCCTCCCATTGCTC 3'.

Le fragment d'ADN de 802 pb obtenu par digestion du produit de PCR par Sall et XbaI est ligaturé avec un fragment de 4879 pb résultant de la digestion de pVR1012 (exemple 2) par Sall et XbaI pour générer le plasmide pLF1011 d'une
20 taille d'environ 5681 pb.

Le gène COL5 de PRRSV Lelystad code pour une protéine de 201 acides aminés.

9.2.2 pLF1012 : gène COL5 (forme tronquée) cloné dans le vecteur pAB110.

25 Le gène COL5 délété de ses domaines transmembranaire et carboxy-terminal est synthétisé par une réaction de PCR à partir de la matrice pLF1011 (exemple 9.2.1) à l'aide du couple d'oligonucléotides suivants :

LF021 (30 mer) (SEQ ID NO 71)

5' CACCTCGGATCCTTTGCCGATGGCAACGGC 3' et

30 LF022 (33 mer) (SEQ ID NO 72)

5' CACCTCGGATCCTTAGACTTCGGCTTTGCCCAA 3'.

Le fragment d'ADN de 432 pb obtenu par digestion du produit de PCR par BamHI est ligaturé avec un fragment de 5105 pb résultant de la digestion de pAB110 (exemple 2) par BamHI pour générer le plasmide pLF1012 d'une taille d'environ 5537 pb.

- 5 Le gène COL5 de PRRSV Lelystad ainsi modifié (tPA Δ [TM+Cter]) code pour une protéine de 168 acides aminés.

9.3 Plasmides codant pour les différentes formes du COL6 de la souche PRRSV Lelystad

10

9.3.1 pLF1013 : gène COL6 (forme native) cloné dans le vecteur pVR1012.

L'ADNc du gène COL6 de la souche Lelystad est synthétisé à partir de l'ARN viral correspondant à l'aide de l'amorce LF024 et amplifié par une réaction de PCR à l'aide du couple d'oligonucléotides suivants :

- 15 LF023 (30 mer) (SEQ ID NO 73)
5' CACTCAGTCGACATGGGAGGCCTAGACGAT 3' et
LF024 (30 mer) (SEQ ID NO 74)
5' CACTCATCTAGATTACCGGCCATACTTGAC 3'.

20 Le fragment d'ADN de 528 pb obtenu par digestion du produit de PCR par Sall et XbaI est ligaturé avec un fragment de 4881 pb résultant de la digestion de pVR1012 (exemple 2) par Sall et XbaI pour générer le plasmide pLF1013 d'une taille d'environ 5409 pb.

Le gène COL6 de PRRSV Lelystad code pour une protéine de 173 acides aminés.

25

9.3.2 pLF1014 : gène COL6 (forme tronquée) cloné dans le vecteur pAB110.

Le gène COL6 délété de ses domaines transmembranaire et carboxy-terminal est synthétisé par une réaction de PCR à partir de la matrice pLF1013 (exemple 9.3.1) à l'aide du couple d'oligonucléotides suivants :

- 30 LF025 (30 mer) (SEQ ID NO 75)
5' CACTACGGATCCGTGTCACGCGGCCGACTC 3' et

LF026 (33 mer) (SEQ ID NO 76)

5' CACTACGGATCCTTAAACAGCTCGTTTGCCGCC 3'.

Le fragment d'ADN de 390 pb obtenu par digestion du produit de PCR par BamHI est ligaturé avec un fragment de 5105 pb résultant de la digestion de pAB110 (exemple 2) par BamHI pour générer le plasmide pLF1014 d'une taille d'environ 5495 pb.

Le gène COL6 de PRRSV Lelystad ainsi modifié (tPA Δ [TM+Cter]) code pour une protéine de 154 acides aminés.

Exemple 10 : Plasmides codant pour les différentes formes des antigènes du virus du syndrome respiratoire et reproducteur porcin (PRRSV), souche américaine ATCC VR-2332

Les gènes codant pour les protéines COL3, COL5 et COL6 des virus PRRSV sont obtenus par RT-PCR à partir de l'ARN viral de la souche américaine (M. Murtaugh *et al.* Arch Virol. 1995. **140**. 1451-1460), déposée auprès de l'ATCC sous le numéro VR-2332.

10.1 Plasmides codant pour les différentes formes du COL3 de la souche PRRSV VR-2332

10.1.1 pLF1015 : gène COL3 (forme native) cloné dans le vecteur pVR1012.

L'ADNc du gène COL3 de la souche VR-2332 est synthétisé à partir de l'ARN viral correspondant à l'aide de l'amorce LF038 et amplifié par une réaction de PCR à l'aide du couple d'oligonucléotides suivants :

LF037 (30 mer) (SEQ ID NO 77)

5' CACTACGATATCATGGTTAATAGCTGTACA 3' et

LF038 (30 mer) (SEQ ID NO 78)

5' CACTACTCTAGACTATCGCCGTACGGCACT 3'.

Le fragment d'ADN de 769 pb obtenu par digestion du produit de PCR par EcoRV et XbaI est ligaturé avec un fragment de 4900 pb résultant de la digestion

de pVR1012 (exemple 2) par EcoRV et BglIII pour générer le plasmide pLF1015 d'une taille d'environ 5669 pb.

Le gène COL3 de PRRSV souche VR-2332 code pour une protéine de 254 acides aminés.

5

10.2 Plasmides codant pour les différentes formes du COL5 de la souche PRRSV VR-2332

10.2.1 pLF1017 : gène COL5 (forme native) cloné dans le vecteur pVR1012.

10 L'ADNc du gène COL5 de la souche VR-2332 est synthétisé à partir de l'ARN viral correspondant à l'aide de l'amorce LF030 et amplifié par une réaction de PCR à l'aide du couple d'oligonucléotides suivants :

LF029 (30 mer) (SEQ ID NO 79)

5' CACTACGATATCATGTTGGAGAAATGCTTG 3' et

15 LF030 (30 mer) (SEQ ID NO 80)

5' CACTACAGATCTCTAAGGACGACCCCATTTG 3'.

Le fragment d'ADN de 607 pb obtenu par digestion du produit de PCR par EcoRV et BglII est ligaturé avec un fragment de 4879 pb résultant de la digestion de pVR1012 (exemple 2) par EcoRV et BglII pour générer le plasmide pLF1017 d'une taille d'environ 5486 pb.

20

Le gène COL5 de PRRSV souche VR-2332 code pour une protéine de 200 acides aminés.

10.2.2 pLF1018 : gène COL5 (forme tronquée) cloné dans le vecteur pAB110.

25

Le gène COL5 délété de ses domaines transmembranaire et carboxy-terminal est synthétisé par une réaction de PCR à partir de la matrice pLF1017 (exemple 10.2.1) à l'aide du couple d'oligonucléotides suivants :

LF031 (33 mer) (SEQ ID NO 81)

30 5' CACTACGGATCCGCCAGCAACGACAGCAGCTCC 3' et

LF032 (33 mer) (SEQ ID NO 82)

5' CACTACGGATCCTTAGACCTCAACTTTGCCCCT 3'.

Le fragment d'ADN de 426 pb obtenu par digestion du produit de PCR par BamHI est ligaturé avec un fragment de 5105 pb résultant de la digestion de pAB110 (exemple 2) par BamHI pour générer le plasmide pLF1018 d'une taille
5 d'environ 5531 pb.

Le gène COL5 de PRRSV souche VR-2332 ainsi modifié (tPA Δ [TM+Cter]) code pour une protéine de 166 acides aminés.

10.3 Plasmides codant pour les différentes formes du COL6 de la souche 10 PRRSV VR-2332

10.3.1 pLF1019 : gène COL6 (forme native) cloné dans le vecteur pVR1012.

L'ADNc du gène COL6 de la souche VR-2332 est synthétisé à partir de l'ARN viral correspondant à l'aide de l'amorce LF034 et amplifié par une réaction
15 de PCR à l'aide du couple d'oligonucléotides suivants :

LF033 (33 mer) (SEQ ID NO 83)

5' CACATCCTGCAGATGGGGTCGTCCTTAGATGAC 3' et

LF034 (30 mer) (SEQ ID NO 84)

5' CACATCTCTAGATTATTTGGCATATTTGAC 3'.

20 Le fragment d'ADN de 527 pb obtenu par digestion du produit de PCR par PstI et XbaI est ligaturé avec un fragment de 4871 pb résultant de la digestion de pVR1012 (exemple 2) par PstI et XbaI pour générer le plasmide pLF1019 d'une taille d'environ 5398 pb.

Le gène COL6 de PRRSV souche VR-2332 code pour une protéine de
25 174 acides aminés.

10.3.2 pLF1016 : gène COL6 (forme tronquée) cloné dans le vecteur pAB110.

Le gène COL6 délété de ses domaines transmembranaire et carboxy-
30 terminal est synthétisé par une réaction de PCR à partir de la matrice pLF1019 (exemple 10.3.1) à l'aide du couple d'oligonucléotides suivants :

LF035 (30 mer) (SEQ ID NO 85)

5' CACTACGGATCCGTGAGTCGCGGCCGACTG 3' et

LF036 (33 mer) (SEQ ID NO 86)

5' CACTACGGATCCTTAAACAGCTTTTCTGCCACC 3'.

- 5 Le fragment d'ADN de 390 pb obtenu par digestion du produit de PCR par BamHI est ligaturé avec un fragment de 5105 pb résultant de la digestion de pAB110 (exemple 2) par BamHI pour générer le plasmide pLF1016 d'une taille d'environ 5495 pb.

- Le gène COL6 de PRRSV souche VR-2332 ainsi modifié (tPA
10 Δ [TM+Cter]) code pour une protéine de 154 acides aminés.

Exemple 11 : Plasmides codant pour les différentes formes des antigènes du virus de la grippe porcine (SIV), souche H1N1

- Les gènes codant pour les antigènes hémagglutinine (HA) et
15 neuraminidase (NA) du virus de la grippe porcine de type H1N1 sont obtenus par RT-PCR à partir de l'ARN viral d'une souche « SW » H1N1. Des souches sont disponibles auprès du Centre de Recherche en Virologie, Institut Armand-Frappier, Université du Québec, Laval, Canada (D. S. Arora *et al.*, Virus Genes, 1997, **14**, 251-254). Voir aussi G. W. Both *et al.*, Proc. Natl. Acad. Sci. USA,
20 1983, **80**, 6996-7000.

11.1 Plasmides codant pour les différentes formes de HA de la souche SIV H1N1

- 25 **11.1.1 pLF1001 : gène HA (forme native) cloné dans le vecteur pVR1012.**

L'ADNc du gène HA de la souche H1N1 est synthétisé à partir de l'ARN viral correspondant à l'aide de l'amorce LF004 et amplifié par une réaction de PCR à l'aide du couple d'oligonucléotides suivants :

LF003 (30 mer) (SEQ ID NO 87)

- 30 5' CTCCATGATATCATGGAAGCAAACTATTC 3' et

LF004 (30 mer) (SEQ ID NO 88)

5' CTCCATCAGATCTTAAATGCATATTCTGCA 3'.

Le fragment d'ADN de 1705 pb obtenu par digestion du produit de PCR par EcoRV et BglII est ligaturé avec un fragment de 4879 pb résultant de la digestion de pVR1012 (exemple 2) par EcoRV et BglII pour générer le plasmide pLF1001 d'une taille d'environ 6584 pb.

Le gène HA de SIV H1N1 code pour une protéine de 566 acides aminés.

11.1.2 pLF1002 : gène HA (forme modifiée) cloné dans le vecteur pLF999.

Le gène HA délété de ses domaines transmembranaire et carboxy-terminal est synthétisé par une réaction de PCR à partir de la matrice pLF1001 (exemple 11.1.1) à l'aide du couple d'oligonucléotides suivants :

LF005 (30 mer) (SEQ ID NO 89)

5' TCCGCGGCCGCACATGCTAACAATTCCACA 3' et

LF006 (32 mer) (SEQ ID NO 90)

5' TCCGCGGCCGCTTACATTGATTCTAGTTTCAC 3'.

Le fragment d'ADN de 1515 pb obtenu par digestion du produit de PCR par NotI est ligaturé avec un fragment de 5678 pb résultant de la digestion de pLF999 (exemple 2) par NotI pour générer le plasmide pLF1002 d'une taille de 7193 pb.

Le gène HA de SIV H1N1 ainsi modifié (intron II du gène de la β -globine du lapin, tPA, Δ [TM+Cter]) code pour une protéine de 530 acides aminés.

11.2 Plasmides codant pour les différentes formes de NA de la souche SIV H1N1

11.2.1 pLF1003 : gène NA (forme native) cloné dans le vecteur pVR1012.

L'ADNc du gène NA de la souche H1N1 est synthétisé à partir de l'ARN viral correspondant à l'aide de l'amorce LF008 et amplifié par une réaction de PCR à l'aide du couple d'oligonucléotides suivants :

LF007 (30 mer) (SEQ ID NO 91)

5' CACCTGGTCGACATGAATCCAAATCAGAAG 3' et

LF008 (30 mer) (SEQ ID NO 92)

5' CACCTGTCTAGACTACTTGTCAATGGTGAA 3'.

Le fragment d'ADN de 1416 pb obtenu par digestion du produit de PCR par Sall et XbaI est ligaturé avec un fragment de 4881 pb résultant de la digestion de pVR1012 (exemple 2) par Sall et XbaI pour générer le plasmide pLF1003 d'une taille d'environ 6297 pb.

Le gène NA de SIV H1N1 code pour une protéine de 469 acides aminés.

11.2.2 pLF1004 : gène NA (forme modifiée) cloné dans le vecteur pLF999.

Le gène NA délété de ses domaines transmembranaire et carboxy-terminal est synthétisé par une réaction de PCR à partir de la matrice pLF1003 à l'aide du couple d'oligonucléotides suivants :

LF009 (31 mer) (SEQ ID NO 93)

5' CACTACGAATTCACAAATTGGGAATCAAAAT 3' et

LF010 (30 mer) (SEQ ID NO 94)

5' AATTTGTGAATTCGCGGCCGCGGATCCGGT 3'.

Le fragment d'ADN de 1207 pb obtenu par digestion du produit de PCR par EcoRI est ligaturé avec un fragment de 5678 pb résultant de la digestion de pLF999 (exemple 2) par EcoRI pour générer le plasmide pLF1004 d'une taille d'environ 6885 pb.

Le gène NA de SIV H1N1 ainsi modifié (intron II du gène de la β -globine du lapin, tPA, Δ [TM+Cter]) code pour une protéine de 431 acides aminés.

Exemple 12 : Plasmides codant pour les différentes formes des antigènes du virus de la grippe porcine (SIV), souche H3N2

Les gènes codant pour les antigènes HA et NA du virus de la grippe porcine de type H3N2 sont obtenus par RT-PCR à partir de l'ARN viral de la souche « Côtes du Nord 1987 » (cdn87), référencée par l'Organisation Mondiale de la Santé (OMS) et disponible auprès du National Influenza Reference Center, Virology Laboratory, 8 avenue Rockefeller, 69008 Lyon, France.

12.1 Plasmides codant pour les différentes formes de HA de la souche SIV H3N2

5 12.1.1 pLF1005 : gène HA (forme native) cloné dans le vecteur pVR1012.

L'ADNc du gène HA de la souche H3N2 est synthétisé à partir de l'ARN viral correspondant à l'aide de l'amorce LF012 et amplifié par une réaction de PCR à l'aide du couple d'oligonucléotides suivants :

LF011 (30 mer) (SEQ ID NO 95)

10 5' CTGCACGTCGACATGAAGACTGTCATTGCC 3' et

LF012 (24 mer) (SEQ ID NO 96)

5' GATATCTCAGATGCAAATGTTGCA 3'.

Le fragment d'ADN de 1709 pb obtenu par digestion du produit de PCR par EcoRV et Sall est ligaturé avec un fragment de 4893 pb résultant de la digestion de pVR1012 (exemple 2) par EcoRV et Sall pour générer le plasmide
15 pLF1005 d'une taille d'environ 6602 pb.

Le gène HA de SIV H3N2 code pour une protéine de 566 acides aminés.

12.1.2 pLF1006 : gène HA (forme modifiée) cloné dans le vecteur pLF999.

20 Le gène HA délété de ses domaines transmembranaire et carboxy-terminal est synthétisé par une réaction de PCR à partir de la matrice pLF1005 (exemple 12.1.1) à l'aide du couple d'oligonucléotides suivants :

LF013 (33 mer) (SEQ ID NO 97)

5' CACCGCGGATCCCTTCCAGAAAATGGCAGCACA 3' et

25 LF014 (33 mer) (SEQ ID NO 98)

5' CACCGCGGATCCTTAGTCTTTGTATCCCGACTT 3'.

Le fragment d'ADN de 1542 pb obtenu par digestion du produit de PCR par BamHI est ligaturé avec un fragment de 5678 pb résultant de la digestion de pLF999 (exemple2) par BamHI pour générer le plasmide pLF1006 d'une taille
30 d'environ 7220 pb.

Le gène HA de SIV H3N2 ainsi modifié (intron II du gène de la β -globine du lapin, tPA, Δ [TM+Cter]) code pour une protéine de 538 acides aminés.

12.2 Plasmides codant pour les différentes formes de NA de la souche SIV H3N2

12.2.1 pLF1007 : gène NA (forme native) cloné dans le vecteur pVR1012.

L'ADNc du gène NA de la souche H3N2 est synthétisé à partir de l'ARN viral correspondant à l'aide de l'amorce LF016 et amplifié par une réaction de PCR à l'aide du couple d'oligonucléotides suivants :

LF015 (30 mer) (SEQ ID NO 99)

5' CACTCAGATATCATGAATCCAAAGCAAAAG 3' et

LF016 (30 mer) (SEQ ID NO 100)

5' CACTCATCTAGATTATATAGGCATGAGATC 3'.

Le fragment d'ADN de 1414 pb obtenu par digestion du produit de PCR par EcoRV et XbaI est ligaturé avec un fragment de 4900 pb résultant de la digestion de pVR1012 (exemple 2) par EcoRV et XbaI pour générer le plasmide pLF1007 d'une taille d'environ 6314 pb.

Le gène NA de SIV H3N2 code pour une protéine de 469 acides aminés.

12.2.2 pLF1008 : gène NA (forme modifiée) cloné dans le vecteur pLF999.

Le gène NA délété de ses domaines transmembranaire et carboxy-terminal est synthétisé par une réaction de PCR à partir de la matrice pLF1005 (exemple 12.2.1) à l'aide du couple d'oligonucléotides suivants :

LF017 (33 mer) (SEQ ID NO 101)

5' CACTACGGATCCTTCAAGCAATATGAGTGCGAC 3' et

LF018 (33 mer) (SEQ ID NO 102)

5' CACTACGGATCCTTATGAAGTCCACCATACTCT 3'

Le fragment d'ADN de 1221 pb obtenu par digestion du produit de PCR par BamHI est ligaturé avec un fragment de 5678 pb résultant de la digestion de

pLF999 (exemple 2) par BamHI pour générer le plasmide pLF1008 d'une taille d'environ 6899 pb.

Le gène NA de SIV H3N2 ainsi modifié (intron II du gène de la β -globine du lapin, tPA, Δ [TM+Cter]) code pour une protéine de 431 acides aminés.

5

Exemple 13 : Plasmide codant pour le GM-CSF bovin

L'ADNc du gène GM-CSF bovin est synthétisé à partir de d'ARN cellulaire de cellules mononuclées sanguines bovines à l'aide de l'amorce LF065 et amplifié par une réaction de PCR à l'aide du couple d'oligonucléotides suivants :

10 LF054 (36 mer) (SEQ ID NO 103)

5' CATATCGTCGACATGTGGCTGCAGAACCTGCTTCTC 3' et

LF055 (34 mer) (SEQ ID NO 104)

5' CATGACCAGATCTTCACTTCTGGGCTGGTTCCCA 3'.

Le fragment d'ADN de 437 pb obtenu par digestion du produit de PCR par
15 Sall et BglII est ligaturé avec un fragment de 4860 pb résultant de la digestion de pVR1012 (exemple 2) par Sall et BglII pour générer le plasmide pLF1032 (environ 5297 pb). Le gène GM-CSF bovin code pour une protéine de 143 acides aminés.

20

Exemple 14 : Plasmide codant pour le GM-CSF porcin

L'ADNc du gène GM-CSF porcin est synthétisé à partir de d'ARN cellulaire de cellules mononuclées sanguines porcines à l'aide de l'amorce LF067 et amplifié par une réaction de PCR à l'aide du couple d'oligonucléotides suivants :

25 LF056 (36 mer) (SEQ ID NO 105)

5' CATATCGTCGACATGTGGCTGCAGAACCTGCTTCTC 3' et

LF057 (37 mer) (SEQ ID NO 106)

5' CATGACCAGATCTTCACTTCTGGGCTGGTTCCCAGCA 3'.

Le fragment d'ADN de 440 pb obtenu par digestion du produit de PCR par
30 Sall et BglII est ligaturé avec un fragment de 4860 pb résultant de la digestion de pVR1012 (exemple 2) par Sall et BglII pour générer le plasmide pLF1033

(environ 5300 pb). Le gène GM-CSF porcin code pour une protéine de 144 acides aminés.

Exemple 15 : Formulation des plasmides vaccinaux

5 La solution d'ADN contenant un ou plusieurs plasmides selon les exemples 3 à 14 est concentrée par précipitation éthanolique comme décrit dans Sambrook *et al.* (1989). Le culot d'ADN est repris par une solution de NaCl 0.9% de façon à obtenir une concentration de 1 mg/ml. Une solution de DMRIE-DOPE à 0,75mM est préparée par reprise d'un lyophilisat de DMRIE-DOPE par un
10 volume adapté d'H₂O stérile.

 La formation des complexes ADN plasmidique-lipide est réalisée par dilution à parties égales de la solution de DMRIE-DOPE 0.75 mM par la solution d'ADN à 1 mg/ml dans NaCl 0.9%. La solution d'ADN est introduite progressivement à l'aide d'une aiguille sertie 26G le long de la paroi du flacon
15 contenant la solution de lipide cationique de façon à éviter la formation de mousse. On procède à une agitation douce dès que les deux solutions sont mélangées. On obtient en final une composition comprenant 0,375 mM de DMRIE-DOPE et 500 µg/ml de plasmide.

 Il est souhaitable que l'ensemble des solutions utilisées soient à
20 température ambiante pour l'ensemble des opérations décrites ci-dessus. On laisse la complexation ADN/DMRIE-DOPE se mettre en place à température ambiante pendant 30 minutes environ avant de procéder à l'immunisation des animaux.

25 Exemple 16 : Immunisation des bovins contre BHV-1

 12 bovins sont randomisés en 3 groupes de 4 animaux.

 Le groupe 1 constitue le groupe des animaux témoins.

 On administre aux animaux du groupe 2 un mélange de plasmides vaccinaux pPB281 (codant pour gB de BHV-1 sous une forme Δ [TM-Cter],
30 exemple 3.1.2), pPB292 (codant pour gC de BHV-1 sous une forme Δ [TM-Cter],

exemple 3.2.2) et pPB284 (codant pour gD de BHV-1 sous une forme Δ [TM-Cter], exemple 3.3.2).

On administre aux animaux du groupe 3 le même mélange que celui du groupe 2 mais formulé avec du DMRIE-DOPE comme cela est décrit dans l'exemple 15.

Une injection de 10 ml par voie intramusculaire est pratiquée à l'aide de seringues munies d'aiguille sur chaque bovin, et est répétée 21 jours plus tard. La masse totale de chaque plasmide utilisée lors de chaque immunisation est de 1500 μ g.

L'homme de l'art possède les connaissances nécessaires pour adapter le volume ou la concentration en fonction de la dose de plasmide requise.

Un suivi de la réponse sérologique induite par les deux mélanges de plasmides vaccins exprimant les antigènes gB, gC et gD de BHV-1 est réalisé sur une période de 35 jours après la primovaccination.

Les résultats sont présentés dans le tableau qui suit :

Plasmides	Formulation	Antigènes	Dose	SN à J28	SN à J35
contrôle	---	---	---	0,2 +/- 0,0	0,2 +/- 0,0
pPB281	---	gB Δ [TM-Cter]	1500 μ g	1,0 +/- 0,5	1,2 +/- 0,8
pPB292		gC Δ [TM-Cter]	1500 μ g		
pPB294		gD Δ [TM-Cter]	1500 μ g		
pPB281	DMRIE-DOPE	gB Δ [TM-Cter]	1500 μ g	2,1 +/- 0,6	2,7 +/- 0,6
pPB292		gC Δ [TM-Cter]	1500 μ g		
pPB294		gD Δ [TM-Cter]	1500 μ g		

20

Exemple 17 : Immunisation des porcs contre PRV

15 porcs, âgés d'environ 7 semaines, sont randomisés en 3 groupes de 5 animaux.

Le groupe 1 constitue le groupe des animaux témoins.

On administre aux animaux du groupe 2 un mélange de plasmides vaccinaux pNS009 (codant pour gB de PRV sous une forme tPA Δ [TM-Cter], exemple 8.1.3), pNS012 (codant pour gC de PRV sous une forme tPA Δ [TM-Cter], exemple 8.2.3) et pPB238 (codant pour gD de PRV sous une forme tPA Δ [TM-Cter], exemple 8.3.3).

On administre aux animaux du groupe 4 le même mélange que celui du groupe 3 mais formulé avec du DMRIE-DOPE comme cela est décrit dans l'exemple 15 afin d'obtenir une concentration finale en DMRIE-DOPE de 0,0535 mM.

350 μ g de chaque plasmide nécessaire pour ces protocoles de vaccination sont mélangés dans un volume final de 14 ml.

Une injection de 2 ml par voie intramusculaire est pratiquée à l'aide de seringues munies d'aiguille sur chaque porc, et est répétée à 21 jours plus tard.

Les porcs sont éprouvés à J35 par administration nasale de 2 ml d'une solution de virus d'épreuve PRV souche NIA3 à raison de 1 ml par narine et titrant $10^{7,76}$ DICC₅₀ par ml.

Un suivi du poids (en kg) de chaque animal est réalisé sur une période de 42 jours après la primovaccination.

Le gain pondéral relatif (G7) est calculé pour chaque animal sur la période de 7 jours qui suit l'épreuve. Il s'agit de la différence entre le poids au 7^{ème} jour (J7) et au jour de l'épreuve (J0), divisée par le poids à J0, ramenée à 1 jour et exprimée en pourcentage : $(\text{poids à J7} - \text{poids à J0}) \cdot 100 / (\text{poids à J0} \cdot 7)$

Δ G7 est la différence entre les moyennes des gains pondéraux relatifs des animaux vaccinés et des animaux témoins.

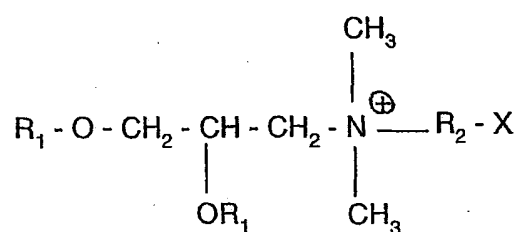
Les résultats sont présentés dans le tableau qui suit :

Plasmides	Formulation	Antigènes	Dose	Poids moyen à J35	Poids moyen à J42	$\Delta G7$
Contrôle	---	---	---	25,3 +/- 6,2	22,0 +/- 5,0	---
pNS009	---	gB Δ [TM-Cter] tPA	350 μ g	25,3 +/- 4,8	26,1 +/- 4,7	2,46
pNS012		gC Δ [TM-Cter] tPA	350 μ g			
pPB238		gD Δ [TM-Cter] tPA	350 μ g			
pNS009	DMRIE- DOPE	gB Δ [TM-Cter] tPA	350 μ g	23,8 +/- 4,5	26,2 +/- 4,9	3,41
pNS012		gC Δ [TM-Cter] tPA	350 μ g			
pPB238		gD Δ [TM-Cter] tPA	350 μ g			

- 5 Il doit être bien compris que l'invention définie par les revendications annexées n'est pas limitée aux modes de réalisation particuliers indiqués dans la description ci-dessus, mais englobe les variantes qui ne sortent ni du cadre ni de l'esprit de la présente invention.

Revendications

1. Vaccin ADN contre un pathogène touchant les animaux de rente, notamment les bovins ou les porcins, comprenant un plasmide contenant une
 5 séquence nucléotidique codant pour un immunogène d'un pathogène de l'espèce animale considérée, dans des conditions permettant l'expression *in vivo* de cette séquence, et un lipide cationique contenant un sel d'ammonium quaternaire, de formule



- 10 dans laquelle R1 est un radical aliphatique linéaire, saturé ou insaturé, ayant 12 à 18 atomes de carbone, R2 est un autre radical aliphatique, renfermant 2 ou 3 atomes de carbone, et X un groupement hydroxyle ou amine, ce lipide étant de préférence le DMRIE.

- 15 2. Vaccin selon la revendication 1, caractérisé en ce qu'il comprend aussi du DOPE.

3. Vaccin selon la revendication 1 ou 2, caractérisé en ce qu'il comprend en outre une protéine GM-CSF de l'espèce animale considérée.

20

4. Vaccin selon la revendication 1 ou 2, caractérisé en ce qu'il comprend en outre un vecteur d'expression contenant le gène codant pour la protéine GM-CSF de l'espèce animale considérée, dans des conditions permettant l'expression *in vivo* de cette séquence.

25

5. Vaccin selon la revendication 4, caractérisé en ce que le vecteur d'expression est un plasmide.

6. Vaccin selon l'une quelconque des revendications 1 à 5, caractérisé en ce que la séquence nucléotidique codant pour un immunogène de pathogène est la séquence d'un gène dont on a délété la partie codant pour le domaine transmembranaire.
7. Vaccin selon l'une quelconque des revendications 1 à 6, caractérisé en ce que le plasmide comportant la séquence nucléotidique codant pour un immunogène de pathogène comporte aussi une séquence nucléotidique codant pour une séquence signal hétérologue, de préférence pour un tPA.
8. Vaccin selon l'une quelconque des revendications 1 à 7, caractérisé en ce que le plasmide comportant la séquence nucléotidique codant pour un immunogène de pathogène comporte aussi un intron stabilisateur.
9. Vaccin selon la revendication 7, caractérisé en ce que l'intron est l'intron II du gène de la bêta-globine du lapin.
10. Vaccin selon l'une des revendications 1 à 5, caractérisé en ce qu'il comprend une séquence nucléotidique de BHV-1.
11. Vaccin selon la revendication 10, caractérisé en ce qu'il comprend la séquence du gène gB optimisée par une séquence signal, notamment celle du signal tPA d'origine humaine, à la place de la séquence du peptide signal de la glycoprotéine gB, et/ou par la délétion du fragment d'ADN codant pour le domaine transmembranaire de gB.
12. Vaccin selon la revendication 10, caractérisé en ce qu'il comprend la séquence du gène gC optimisée par une séquence signal, notamment celle du signal tPA d'origine humaine, à la place de la séquence du peptide signal de la

glycoprotéine gC, et/ou par la délétion du fragment d'ADN codant pour le domaine transmembranaire de gC.

13. Vaccin selon la revendication 10, caractérisé en ce qu'il comprend la
5 séquence du gène gD optimisée par une séquence signal, notamment celle du signal tPA d'origine humaine, à la place de la séquence du peptide signal de la glycoprotéine gD, et/ou par la délétion du fragment d'ADN codant pour le domaine transmembranaire de gD.
- 10 14. Vaccin selon la revendication 10, caractérisé en ce qu'il comprend du DMRIE-DOPE, un plasmide d'expression codant pour l'antigène gB de BHV-1 optimisé par la délétion du fragment de la séquence nucléotidique codant pour le domaine transmembranaire et la partie C terminale contiguë, d'un deuxième
15 plasmide d'expression codant pour l'antigène gC de BHV-1 optimisé par la délétion du fragment de la séquence nucléotidique codant pour le domaine transmembranaire et la partie C terminale contiguë, et d'un troisième plasmide d'expression codant pour l'antigène gD de BHV-1 optimisé par la délétion du fragment de la séquence nucléotidique codant pour le domaine transmembranaire et la partie C terminale contiguë.
- 20 15. Vaccin selon l'une des revendications 1 à 5, caractérisé en ce qu'il comprend une séquence nucléotidique de BRSV.
- 25 16. Vaccin selon la revendication 15, caractérisé en ce qu'il comprend la séquence du gène F de BRSV optimisé par substitution, par une séquence signal, notamment celle du tPA d'origine humaine, de la séquence signal de la protéine F de BRSV, et/ou par la délétion du fragment d'ADN codant pour le domaine transmembranaire de F.
- 30 17. Vaccin selon la revendication 15, caractérisé en ce qu'il comprend la séquence du gène G de BRSV optimisé par substitution, par une séquence

signal, notamment celle du tPA d'origine humaine, de la séquence signal de la glycoprotéine G de BRSV, et/ou par la délétion du fragment d'ADN codant pour le domaine transmembranaire de G.

- 5 18. Vaccin selon la revendication 15, caractérisé en ce qu'il comprend du DMRIE-DOPE, un plasmide d'expression codant pour l'antigène F de BRSV optimisé par l'insertion de la séquence signal du tPA humain à la place de la séquence signal de F, et par la délétion du fragment de la séquence nucléotidique de F codant pour le domaine transmembranaire et la partie C
10 terminale contiguë, et un deuxième plasmide d'expression codant pour l'antigène G de BRSV optimisé par l'insertion de la séquence signal du tPA humain à la place de la séquence signal de G, et par la délétion du fragment de la séquence nucléotidique codant pour le domaine transmembranaire de G et la partie C terminale contiguë.

15

19. Vaccin selon l'une des revendications 1 à 5, caractérisé en ce qu'il comprend une séquence nucléotidique de BVDV.

20. Vaccin selon la revendication 19, caractérisé en ce qu'il comprend la séquence du gène E0 de BVDV optimisée par addition d'une séquence signal, notamment celle du tPA d'origine humaine, en amont de la séquence nucléotidique codant pour la protéine E0, et/ou par l'insertion d'un intron, notamment de l'intron II du gène de la bêta-globine du lapin en amont de la séquence nucléotidique codant pour E0.

25

21. Vaccin selon la revendication 19, caractérisé en ce qu'il comprend la séquence du gène E2 optimisée par addition d'une séquence signal, notamment celle du tPA d'origine humaine, en amont de la séquence nucléotidique codant pour la protéine E2, et/ou par la délétion du fragment d'ADN codant pour le
30 domaine transmembranaire de E2, et/ou par l'insertion d'un intron, notamment

de l'intron II du gène de la bêta-globine du lapin en amont de la séquence nucléotidique codant pour E2.

22. Vaccin selon la revendication 19, caractérisé en ce qu'il comprend
5 du DMRIE-DOPE, un plasmide d'expression codant pour l'antigène E0 de BVDV optimisé par l'insertion de la séquence signal du tPA humain en amont de E0 et par l'insertion de l'intron II du gène de la bêta-globine du lapin en amont de E0, et un deuxième plasmide codant pour l'antigène E2 de BVDV optimisé par l'insertion de la séquence signal du tPA humain en amont de E2, par la délétion
10 du fragment de la séquence nucléotidique codant pour le domaine transmembranaire de E2 et par l'insertion de l'intron II du gène de la bêta-globine du lapin en amont de E2.

23. Vaccin selon l'une des revendications 1 à 5, caractérisé en ce qu'il
15 comprend une séquence nucléotidique de bPI-3.

24. Vaccin selon la revendication 23, caractérisé en ce qu'il comprend la séquence du gène HN de bPI-3 optimisée par substitution, par une séquence signal, notamment celle du tPA d'origine humaine, de la séquence signal de HN,
20 et/ou par la délétion du fragment d'ADN codant pour le domaine transmembranaire de HN, et/ou par l'insertion d'un intron, notamment de l'intron II du gène de la bêta-globine du lapin en amont de la séquence nucléotidique codant pour HN.

25. Vaccin selon la revendication 23, caractérisé en ce qu'il comprend la séquence du gène F de bPI-3 optimisée par substitution, par une séquence signal, notamment celle du tPA d'origine humaine, de la séquence signal de F, et/ou par la délétion du fragment d'ADN codant pour le domaine transmembranaire de F, et/ou par l'insertion d'un intron, notamment de l'intron II
30 du gène de la bêta-globine du lapin en amont de la séquence nucléotidique codant pour F.

26. Vaccin selon la revendication 23 caractérisé en ce qu'il comprend du DMRIE-DOPE, un plasmide d'expression codant pour l'antigène HN de bPI-3 optimisé par l'insertion de la séquence signal du tPA humain à la place de la
5 séquence signal de HN, par la délétion du fragment de la séquence nucléotidique de HN codant pour le domaine transmembranaire et la partie C terminale contiguë et par l'insertion de l'intron II du gène de la bêta-globine du lapin en amont de HN, et un deuxième plasmide d'expression codant pour l'antigène F de bPI-3 optimisé par l'insertion de la séquence signal du tPA
10 humain à la place de la séquence signal de F, par la délétion du fragment de la séquence nucléotidique codant pour le domaine transmembranaire de F et la partie C terminale contiguë et par l'insertion de l'intron II du gène de la bêta-globine du lapin en amont de F.

15 27. Vaccin selon l'une des revendications 1 à 5, caractérisé en ce qu'il comprend une séquence nucléotidique de PRV.

28. Vaccin selon la revendication 27, caractérisé en ce qu'il comprend la séquence du gène gB optimisée par substitution, par une séquence signal,
20 notamment celle du signal tPA d'origine humaine, de la séquence du peptide signal de la glycoprotéine gB, et/ou par la délétion du fragment d'ADN codant pour le domaine transmembranaire de gB.

29. Vaccin selon la revendication 27, caractérisé en ce qu'il comprend la
25 séquence du gène gC optimisée par substitution, par une séquence signal, notamment celle du signal tPA d'origine humaine, de la séquence du peptide signal de la glycoprotéine gC, et/ou par la délétion du fragment d'ADN codant pour le domaine transmembranaire de gC.

30 30. Vaccin selon la revendication 27, caractérisé en ce qu'il comprend la séquence du gène gD optimisée par substitution, par une séquence signal,

notamment celle du signal tPA d'origine humaine, de la séquence du peptide signal de la glycoprotéine gD, et/ou par la délétion du fragment d'ADN codant pour le domaine transmembranaire de gD.

5 31. Vaccin selon la revendication 27, caractérisé en ce qu'il comprend du DMRIE-DOPE, un plasmide d'expression codant pour l'antigène gB de PRV optimisé par la délétion du fragment de la séquence nucléotidique codant pour le domaine transmembranaire et de la partie C terminale contiguë, un deuxième
10 plasmide d'expression codant pour l'antigène gC de PRV optimisé par la délétion du fragment de la séquence nucléotidique codant pour le domaine transmembranaire et de la partie C terminale contiguë, et un troisième plasmide d'expression codant pour l'antigène gD de PRV optimisé par la délétion du fragment de la séquence nucléotidique codant pour le domaine transmembranaire et de la partie C terminale contiguë.

15

32. Vaccin selon l'une des revendications 1 à 5, caractérisé en ce qu'il comprend une séquence nucléotidique de PRRSV.

20 33. Vaccin selon la revendication 32, caractérisé en ce qu'il comprend une séquence nucléotidique du gène COL3 optimisée par substitution, par une séquence signal, notamment celle du signal tPA d'origine humaine, de la séquence du peptide signal de la protéine codée par COL3, et/ou par la délétion du fragment d'ADN codant pour le domaine transmembranaire de COL3.

25 34. Vaccin selon la revendication 32, caractérisé en ce qu'il comprend une séquence nucléotidique du gène COL5 optimisée par substitution, par une séquence signal, notamment celle du signal tPA d'origine humaine, de la séquence du peptide signal de la protéine codée par COL5, et/ou par la délétion du fragment d'ADN codant pour le domaine transmembranaire de COL5.

30

35. Vaccin selon la revendication 32, caractérisé en ce qu'il comprend une séquence nucléotidique du gène COL6 optimisée par substitution, par une séquence signal, notamment celle du signal tPA d'origine humaine, de la séquence du peptide signal de la protéine codée par COL6, et/ou par la délétion
5 du fragment d'ADN codant pour le domaine transmembranaire de COL6.

36. Vaccin selon la revendication 32, caractérisé en ce qu'il comprend du DMRIE-DOPE, un plasmide d'expression codant pour l'antigène COL3 de PRRSV, un deuxième plasmide d'expression codant pour l'antigène COL5 de
10 PRRSV optimisé par substitution de la séquence signal de COL5 par la séquence peptide signal tPA humain et par la délétion du fragment de la séquence nucléotidique codant pour le domaine transmembranaire et la partie C terminale contiguë, et un troisième plasmide d'expression codant pour l'antigène COL6 de PRRSV optimisé par substitution de la séquence signal de COL6 par la
15 séquence peptide signal tPA humain et par la délétion du fragment de la séquence nucléotidique codant pour le domaine transmembranaire et la partie C terminale contiguë.

37. Vaccin selon l'une des revendications 1 à 5, caractérisé en ce qu'il
20 comprend une séquence nucléotidique de SIV.

38. Vaccin selon la revendication 37, caractérisé en ce qu'il comprend une séquence nucléotidique du gène HA optimisée par substitution, par une séquence signal, notamment celle du tPA d'origine humaine, de la séquence
25 signal de HA, et/ou par la délétion du fragment d'ADN codant pour le domaine transmembranaire de HA, et/ou par l'insertion d'un intron, notamment de l'intron II du gène de la bêta-globine du lapin en amont de la séquence nucléotidique codant pour HA.

30 39. Vaccin selon la revendication 37, caractérisé en ce qu'il comprend une séquence nucléotidique du gène NA optimisée par substitution, par une

séquence signal, notamment celle du tPA d'origine humaine, de la séquence signal de NA, et/ou par la délétion du fragment d'ADN codant pour le domaine transmembranaire de NA, et/ou par l'insertion d'un intron, notamment de l'intron II du gène de la bêta-globine du lapin en amont de la séquence nucléotidique
5 codant pour NA.

40. Vaccin selon la revendication 37, caractérisé en ce qu'il comprend du DMRIE-DOPE, un plasmide d'expression codant pour l'antigène HA de SIV optimisé par l'insertion de la séquence signal du tPA humain à la
10 place de la séquence signal de HA, par la délétion du fragment de la séquence nucléotidique de HA codant pour le domaine transmembranaire et la partie C terminale contiguë, et par l'insertion de l'intron II du gène de la bêta-globine du lapin en amont de HA, et un deuxième plasmide d'expression codant pour l'antigène NA de SIV optimisé par l'insertion de
15 la séquence signal du tPA humain à la place de la séquence signal de NA, par la délétion du fragment de la séquence nucléotidique codant pour le domaine transmembranaire de NA et la partie C terminale contiguë, et par l'insertion de l'intron II du gène de la bêta-globine du lapin en amont de NA.

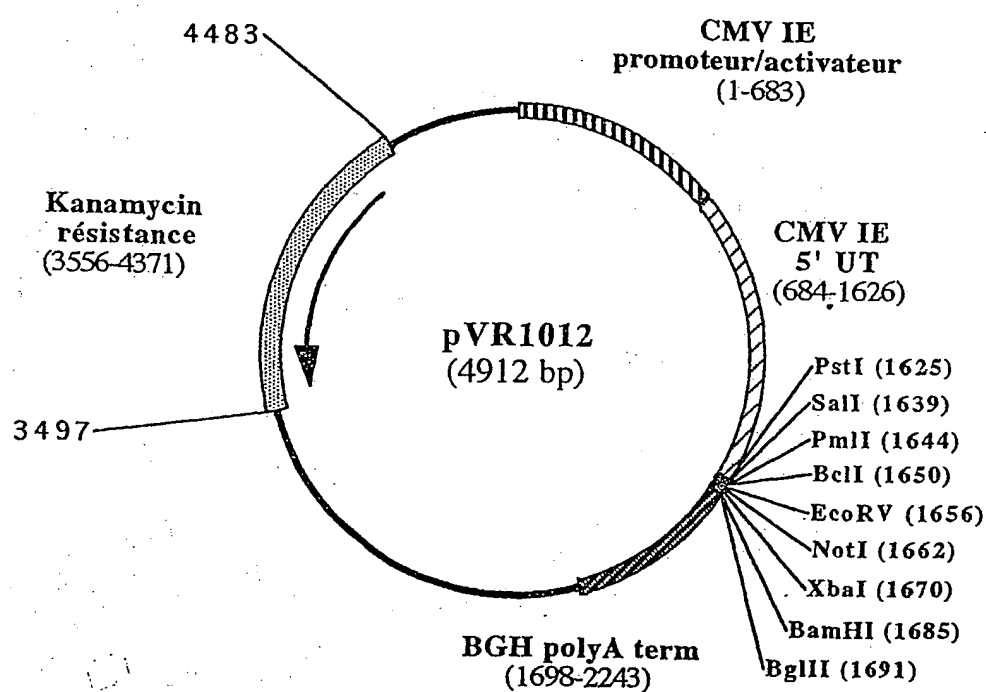
20

25

30

Figure 1

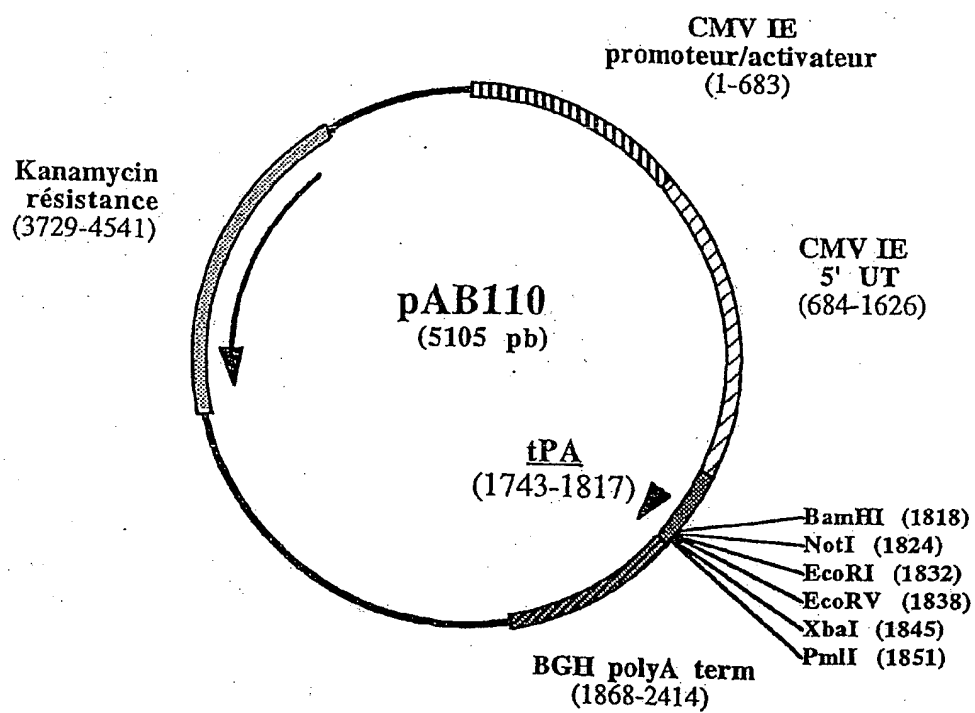
Plasmide pVR1012



2/2

Figure 2

Plasmide pAB110



THIS PAGE BLANK (USPTO)

1 à 1 : 2.

Suivant une deuxième modalité, on ajoute aux vaccins selon l'invention le GM-CSF (en anglais Granulocyte macrophage - colony stimulating factor ; Clark S. C. *et al.* Science 1987. **230**. 1229 ; Grant S. M. *et al.* Drugs 1992. **53**. 516), ce
5 qui peut se faire par l'incorporation de protéine GM-CSF directement dans la composition vaccinale ou de préférence par l'insertion de la séquence nucléotidique codant pour le GM-CSF dans un vecteur d'expression dans des conditions permettant son expression *in vivo*. Comme vecteur d'expression, on préfère utiliser un plasmide, e.g. le plasmide contenant la séquence
10 nucléotidique codant pour le (ou les) antigène(s) d'intérêt ou un autre plasmide. Le choix du GM-CSF se fait de préférence en fonction de l'espèce animale à vacciner, ainsi pour les bovins le GM-CSF bovin est utilisé, pour les porcs il s'agit du GM-CSF porcin.

Suivant une troisième modalité, la (ou les) séquence nucléotidique codant
15 pour l'immunogène sont sous une forme optimisée. Par optimisation, on entend toute modification de la séquence nucléotidique, notamment se manifestant au moins par un niveau d'expression plus élevé de cette séquence nucléotidique, et/ou par une augmentation de la stabilité de l'ARN messenger codant pour cet antigène, et/ou par la sécrétion provoquée de cet antigène dans le milieu
20 extracellulaire, et ayant pour conséquence directe ou indirecte une augmentation de la réponse immunitaire induite.

Dans la présente invention, l'optimisation de l'antigène d'intérêt consiste de préférence en la délétion du fragment de la séquence nucléotidique codant pour le domaine transmembranaire de l'antigène d'intérêt (par délétion, on
25 entend la délétion totale ou une délétion partielle suffisante pour que le domaine transmembranaire ne soit plus, ou substantiellement plus, fonctionnel), et/ou en l'addition en phase d'une séquence nucléotidique codant pour le signal tPA (Montgomery *et al.* Cell. Mol. Biol. 1997. **43**. 285-292 ; Harris *et al.* Mol. Biol. Med. 1986. **3**. 279-292), et/ou en l'insertion d'intron stabilisateur en amont du gène à
30 exprimer. La délétion du fragment d'ADN codant pour le domaine transmembranaire de l'antigène d'intérêt favorise la sécrétion vers le milieu

THIS PAGE BLANK (USPTO)

(12) DEMANDE INTERNATIONALE PUBLIÉE EN VERTU DU TRAITÉ DE COOPÉRATION
EN MATIÈRE DE BREVETS (PCT)

(19) Organisation Mondiale de la Propriété
Intellectuelle
Bureau international



(43) Date de la publication internationale
26 juillet 2001 (26.07.2001)

PCT

(10) Numéro de publication internationale
WO 01/52888 A3

(51) Classification internationale des brevets⁷ :
A61K 39/39, 47/18, A61P 31/12, C12N 15/31

(21) Numéro de la demande internationale :
PCT/FR01/00187

(22) Date de dépôt international :
19 janvier 2001 (19.01.2001)

(25) Langue de dépôt : français

(26) Langue de publication : français

(30) Données relatives à la priorité :
00/00798 21 janvier 2000 (21.01.2000) FR

(71) Déposant : MERIAL [FR/FR]; 17, rue Bourgelat,
F-69002 Lyon (FR).

(72) Inventeurs: AUDONNET, Jean-Christophe, Francis;
119, rue de Créqui, F-69006 Lyon (FR). FISCHER,
Laurent, Bernard; 3ter rue Saint Gervais, F-69008 Lyon
(FR). BARZU-LE-ROUX, Simona; 461 route de Saint
Bel, F-69210 Lentilly (FR).

(74) Mandataire : JACOBSON, Claude; Cabinet Lavoix, 2,
place d'Estienne d'Orves, F-75441 Paris Cedex 09 (FR).

(81) États désignés (national) : AE, AG, AL, AM, AT, AU, AZ,
BA, BB, BG, BR, BY, BZ, CA, CH, CN, CR, CU, CZ, DE,
DK, DM, DZ, EE, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU,
ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS,
LT, LU, LV, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX, MZ, NO,
NZ, PL, PT, RO, RU, SD, SE, SG, SI, SK, SL, TJ, TM, TR,
TT, TZ, UA, UG, UZ, VN, YU, ZA, ZW.

(84) États désignés (régional) : brevet ARIPO (GH, GM, KE,
LS, MW, MZ, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZW), brevet eurasien
(AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), brevet européen
(AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU,
MC, NL, PT, SE, TR), brevet OAPI (BF, BJ, CF, CG, CI,
CM, GA, GN, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

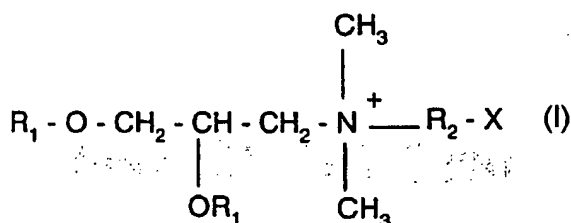
Publiée :
— avec rapport de recherche internationale

(88) Date de publication du rapport de recherche
internationale: 20 décembre 2001

En ce qui concerne les codes à deux lettres et autres abréviations, se référer aux "Notes explicatives relatives aux codes et abréviations" figurant au début de chaque numéro ordinaire de la Gazette du PCT.

(54) Title: IMPROVED DNA VACCINES FOR PRODUCTION-TYPE ANIMALS

(54) Titre : VACCINS ADN AMELIORES POUR ANIMAUX DE RENTE



and X is a hydroxyl or amine group, said lipid being preferably DMRIE.

(57) Abstract: The invention concerns a DNA vaccine against a pathogen affecting production-type animals, in particular cattle and swine, comprising a plasmid containing a nucleotide sequence coding for an immunogen of a pathogen of the animal species concerned, in conditions enabling the expression *in vivo* of said sequence, and a cationic lipid containing a quaternary ammonium salt, of formula (I) wherein: R₁ is a linear aliphatic radical, saturated or unsaturated, having 12 to 18 carbon atoms; R₂ is another aliphatic radical, containing 2 or 3 carbon atoms;

(57) Abrégé : Vaccin AND contre un pathogène touchant les animaux de rente, notamment les bovins ou les porcins, comprenant un plasmide contenant une séquence nucléotidique codant pour un immunogène d'un pathogène de l'espèce animale considérée, dans des conditions permettant l'expression *in vivo* de cette séquence, et un lipide cationique contenant un sel d'ammonium quaternaire, de formule (I) dans laquelle R₁ est un radical aliphatique linéaire, saturé ou insaturé, ayant 12 à 18 atomes de carbone, R₂ est un autre radical aliphatique, renfermant 2 ou 3 atomes de carbone, et X un groupement hydroxyle ou amine, ce lipide étant de préférence le DMRIE.

WO 01/52888 A3

THIS PAGE BLANK (USPTO)

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No

PCT/FR 01/00187

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

IPC 7 A61K39/39 A61K47/18 A61P31/12 C12N15/31

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

IPC 7 A61K

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)

CHEM ABS Data, BIOSIS, MEDLINE, WPI Data, EPO-Internal

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No. .
Y	WO 98 03196 A (MERIAL SAS ; ID DLO INST OF ANIMAL SCIENCE (NL); RIJSEWIJK FRANCISC) 29 January 1998 (1998-01-29) the whole document ---	1-40
Y	FR 2 751 229 A (RHONE MERIEUX) 23 January 1998 (1998-01-23) cited in the application the whole document ---	1-40
Y	WO 98 03658 A (BAUDU PHILIPPE ; MERIAL SAS (FR); RIVIERE MICHEL (FR); AUDONNET JEA) 29 January 1998 (1998-01-29) cited in the application the whole document --- -/--	1-40



Further documents are listed in the continuation of box C.



Patent family members are listed in annex.

* Special categories of cited documents:

A document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance

E earlier document but published on or after the international filing date

L document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)

O document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means

P document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

T later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention

X document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone

Y document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.

G document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

16 July 2001

Date of mailing of the international search report

23/07/2001

Name and mailing address of the ISA

European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
Fax: (+31-70) 340-3016

Authorized officer

Niemann, F

THIS PAGE BLANK (USPTO)

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No

PCI/FR 01/00187

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
Y	WO 94 27435 A (LIFE TECHNOLOGIES INC) 8 December 1994 (1994-12-08) the whole document ---	1-40
Y	GAO YI ET AL: "Truncated bovine herpesvirus-1 glycoprotein I (gpI) initiates a protective local immune response in its natural host" VACCINE,GB,BUTTERWORTH SCIENTIFIC. GUILDFORD, vol. 12, no. 2, 1994, pages 145-152, XP002133950 ISSN: 0264-410X the whole document ---	1-40
Y	WO 98 40499 A (DAVIS HEATHER LYNN ;JESSEE JOEL (US); GEBEYEHU GULILAT (US)) 17 September 1998 (1998-09-17) the whole document ---	1-40
Y	WHEELER C J ET AL: "CONVERTING AN ALCOHOL TO AN AMINE IN A CATIONIC LIPID DRAMATICALLY ALTERS TO CO-LIPID REQUIREMENT, CELLULAR TRANSFECTION ACTIVITY AND THE ULTRASTRUCTURE OF DNA-CYTOFECTIN COMPLEXES" BIOCHIMICA ET BIOPHYSICA ACTA,NL,AMSTERDAM, vol. 1280, no. 1, 1996, pages 1-11, XP002035803 ISSN: 0006-3002 the whole document ---	1-40
Y	FELGNER J H ET AL: "ENHANCED GENE DELIVERY AND MECHANISM STUDIES WITH A NOVEL SERIES OF CATIONIC LIPID FORMULATIONS" JOURNAL OF BIOLOGICAL CHEMISTRY,US,AMERICAN SOCIETY OF BIOLOGICAL CHEMISTS, BALTIMORE, MD, vol. 269, no. 4, 28 January 1994 (1994-01-28), pages 2550-2561, XP002010485 ISSN: 0021-9258 the whole document ---	1-40
A	WO 94 01133 A (BONNEM ERIC M ;SCHERING CORP (US); STUPAK ELLIOT (US); CHAUDRY IMT) 20 January 1994 (1994-01-20) the whole document --- -/--	3,4

THIS PAGE BLANK (USPTO)

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No

PC1/FR 01/00187

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	HADDAD DIANA ET AL: "Comparative study of DNA-based immunization vectors: Effect of secretion signals on the antibody responses in mice" BIOSIS, XP002133953 the whole document ----	7,12,18, 20-22, 25,26, 28-30, 33-36, 38-40
A	LI XIAOMAO ET AL: "Protection against respiratory syncytial virus infection by DNA immunization" JOURNAL OF EXPERIMENTAL MEDICINE, TOKYO, JP, vol. 188, no. 4, 17 August 1998 (1998-08-17), pages 681-688, XP002133951 ISSN: 0022-1007 the whole document -----	8,9, 20-22, 24-26, 38-40

THIS PAGE BLANK (USPTO)

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Information on patent family members

International Application No

PCT/FR 01/00187

Patent document cited in search report	Publication date	Patent family member(s)	Publication date
WO 9803196 A	29-01-1998	FR 2751228 A AU 722878 B AU 3773297 A BR 9710498 A CA 2261334 A CZ 9900106 A EP 0918540 A JP 2000515522 T PL 331237 A ZA 9706285 A	23-01-1998 10-08-2000 10-02-1998 18-01-2000 29-01-1998 14-04-1999 02-06-1999 21-11-2000 05-07-1999 19-01-1999
FR 2751229 A	23-01-1998	AU 734442 B AU 3773597 A BR 9710506 A CA 2260855 A CZ 9900175 A EP 0912194 A WO 9803200 A HR 970383 A JP 2000516200 T PL 331236 A ZA 9706283 A	14-06-2001 10-02-1998 17-08-1999 29-01-1998 16-06-1999 06-05-1999 29-01-1998 31-10-1998 05-12-2000 05-07-1999 19-01-1999
WO 9803658 A	29-01-1998	FR 2751224 A AU 3699197 A BR 9710740 A CN 1225684 A EP 0912743 A HU 9903822 A JP 2001500111 T PL 331249 A US 6207165 B	23-01-1998 10-02-1998 17-08-1999 11-08-1999 06-05-1999 28-03-2000 09-01-2001 05-07-1999 27-03-2001
WO 9427435 A	08-12-1994	EP 0702516 A JP 9500013 T	27-03-1996 07-01-1997
WO 9840499 A	17-09-1998	AU 1987197 A	29-09-1998
WO 9401133 A	20-01-1994	AU 4662393 A CN 1091978 A EP 0651656 A JP 7504683 T MX 9304089 A US 5679356 A ZA 9304890 A	31-01-1994 14-09-1994 10-05-1995 25-05-1995 31-01-1994 21-10-1997 14-04-1994

THIS PAGE BLANK (USPTO)

RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

De ... de Internationale No

PCT/FR 01/00187

A. CLASSEMENT DE L'OBJET DE LA DEMANDE CIB 7 A61K39/39 A61K47/18 A61P31/12 C12N15/31		
Selon la classification internationale des brevets (CIB) ou à la fois selon la classification nationale et la CIB		
B. DOMAINES SUR LESQUELS LA RECHERCHE A PORTE Documentation minimale consultée (système de classification suivi des symboles de classement) CIB 7 A61K		
Documentation consultée autre que la documentation minimale dans la mesure où ces documents relèvent des domaines sur lesquels a porté la recherche		
Base de données électronique consultée au cours de la recherche internationale (nom de la base de données, et si réalisable, termes de recherche utilisés) CHEM ABS Data, BIOSIS, MEDLINE, WPI Data, EPO-Internal		
C. DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS		
Catégorie *	Identification des documents cités, avec, le cas échéant, l'indication des passages pertinents	no. des revendications visées
Y	WO 98 03196 A (MERIAL SAS ; ID DLO INST OF ANIMAL SCIENCE (NL); RIJSEWIJK FRANCISC) 29 janvier 1998 (1998-01-29) le document en entier ----	1-40
Y	FR 2 751 229 A (RHONE MERIEUX) 23 janvier 1998 (1998-01-23) cité dans la demande le document en entier ----	1-40
Y	WO 98 03658 A (BAUDU PHILIPPE ; MERIAL SAS (FR); RIVIERE MICHEL (FR); AUDONNET JEA) 29 janvier 1998 (1998-01-29) cité dans la demande le document en entier ----	1-40
-/-		
<div style="display: flex; justify-content: space-between;"> <input checked="" type="checkbox"/> Voir la suite du cadre C pour la fin de la liste des documents <input checked="" type="checkbox"/> Les documents de familles de brevets sont indiqués en annexe </div>		
<div style="display: flex;"> <div style="flex: 1;"> <p>* Catégories spéciales de documents cités:</p> <p>*A* document définissant l'état général de la technique, non considéré comme particulièrement pertinent</p> <p>*E* document antérieur, mais publié à la date de dépôt international ou après cette date</p> <p>*L* document pouvant jeter un doute sur une revendication de priorité ou cité pour déterminer la date de publication d'une autre citation ou pour une raison spéciale (telle qu'indiquée)</p> <p>*O* document se référant à une divulgation orale, à un usage, à une exposition ou tous autres moyens</p> <p>*P* document publié avant la date de dépôt international, mais postérieurement à la date de priorité revendiquée</p> </div> <div style="flex: 1;"> <p>*T* document ultérieur publié après la date de dépôt international ou la date de priorité et n'appartenant pas à l'état de la technique pertinent, mais cité pour comprendre le principe ou la théorie constituant la base de l'invention</p> <p>*X* document particulièrement pertinent; l'invention revendiquée ne peut être considérée comme nouvelle ou comme impliquant une activité inventive par rapport au document considéré isolément</p> <p>*Y* document particulièrement pertinent; l'invention revendiquée ne peut être considérée comme impliquant une activité inventive lorsque le document est associé à un ou plusieurs autres documents de même nature, cette combinaison étant évidente pour une personne du métier</p> <p>*G* document qui fait partie de la même famille de brevets</p> </div> </div>		
Date à laquelle la recherche internationale a été effectivement achevée <div style="text-align: center; font-weight: bold;">16 juillet 2001</div>		Date d'expédition du présent rapport de recherche internationale <div style="text-align: center; font-weight: bold;">23/07/2001</div>
Nom et adresse postale de l'administration chargée de la recherche internationale Office Européen des Brevets, P.B. 5818 Patentlaan 2 NL - 2280 HV Rijswijk Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl, Fax: (+31-70) 340-3016		Fonctionnaire autorisé <div style="text-align: center; font-weight: bold;">Niemann, F</div>

THIS PAGE BLANK (USPTO)

RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

De demande internationale No

PCT/FR 01/00187

C.(suite) DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS		
Catégorie	Identification des documents cités, avec, le cas échéant, l'indication des passages pertinents	no. des revendications visées
Y	WO 94 27435 A (LIFE TECHNOLOGIES INC) 8 décembre 1994 (1994-12-08) le document en entier ---	1-40
Y	GAO YI ET AL: "Truncated bovine herpesvirus-1 glycoprotein I (gpI) initiates a protective local immune response in its natural host" VACCINE, GB, BUTTERWORTH SCIENTIFIC. GUILDFORD, vol. 12, no. 2, 1994, pages 145-152, XP002133950 ISSN: 0264-410X le document en entier ---	1-40
Y	WO 98 40499 A (DAVIS HEATHER LYNN ; JESSEE JOEL (US); GEBEYEHU GULILAT (US)) 17 septembre 1998 (1998-09-17) le document en entier ---	1-40
Y	WHEELER C J ET AL: "CONVERTING AN ALCOHOL TO AN AMINE IN A CATIONIC LIPID DRAMATICALLY ALTERS TO CO-LIPID REQUIREMENT, CELLULAR TRANSFECTION ACTIVITY AND THE ULTRASTRUCTURE OF DNA-CYTOFECTIN COMPLEXES" BIOCHIMICA ET BIOPHYSICA ACTA, NL, AMSTERDAM, vol. 1280, no. 1, 1996, pages 1-11, XP002035803 ISSN: 0006-3002 le document en entier ---	1-40
Y	FELGNER J H ET AL: "ENHANCED GENE DELIVERY AND MECHANISM STUDIES WITH A NOVEL SERIES OF CATIONIC LIPID FORMULATIONS" JOURNAL OF BIOLOGICAL CHEMISTRY, US, AMERICAN SOCIETY OF BIOLOGICAL CHEMISTS, BALTIMORE, MD, vol. 269, no. 4, 28 janvier 1994 (1994-01-28), pages 2550-2561, XP002010485 ISSN: 0021-9258 le document en entier ---	1-40
A	WO 94 01133 A (BONNEM ERIC M ; SCHERING CORP (US); STUPAK ELLIOT (US); CHAUDRY IMT) 20 janvier 1994 (1994-01-20) le document en entier ---	3, 4

-/--

THIS PAGE BLANK (USPTO)

C.(suite) DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS		
Catégorie	Identification des documents cités, avec, le cas échéant, l'indication des passages pertinents	no. des revendications visées
A	<p>HADDAD DIANA ET AL: "Comparative study of DNA-based immunization vectors: Effect of secretion signals on the antibody responses in mice"</p> <p>BIOSIS, XP002133953 le document en entier</p> <p>----</p>	<p>7,12,18, 20-22, 25,26, 28-30, 33-36, 38-40</p>
A	<p>LI XIAOMAO ET AL: "Protection against respiratory syncytial virus infection by DNA immunization"</p> <p>JOURNAL OF EXPERIMENTAL MEDICINE, TOKYO, JP, vol. 188, no. 4, 17 août 1998 (1998-08-17), pages 681-688, XP002133951 ISSN: 0022-1007 le document en entier</p> <p>-----</p>	<p>8,9, 20-22, 24-26, 38-40</p>

THIS PAGE BLANK (USPTO)

RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

Renseignements relatifs aux membres de familles de brevets

De l'Office International No

PCT/FR 01/00187

Document brevet cité au rapport de recherche	Date de publication	Membre(s) de la famille de brevet(s)	Date de publication
WO 9803196 A	29-01-1998	FR 2751228 A	23-01-1998
		AU 722878 B	10-08-2000
		AU 3773297 A	10-02-1998
		BR 9710498 A	18-01-2000
		CA 2261334 A	29-01-1998
		CZ 9900106 A	14-04-1999
		EP 0918540 A	02-06-1999
		JP 2000515522 T	21-11-2000
		PL 331237 A	05-07-1999
		ZA 9706285 A	19-01-1999
FR 2751229 A	23-01-1998	AU 734442 B	14-06-2001
		AU 3773597 A	10-02-1998
		BR 9710506 A	17-08-1999
		CA 2260855 A	29-01-1998
		CZ 9900175 A	16-06-1999
		EP 0912194 A	06-05-1999
		WO 9803200 A	29-01-1998
		HR 970383 A	31-10-1998
		JP 2000516200 T	05-12-2000
		PL 331236 A	05-07-1999
		ZA 9706283 A	19-01-1999
WO 9803658 A	29-01-1998	FR 2751224 A	23-01-1998
		AU 3699197 A	10-02-1998
		BR 9710740 A	17-08-1999
		CN 1225684 A	11-08-1999
		EP 0912743 A	06-05-1999
		HU 9903822 A	28-03-2000
		JP 2001500111 T	09-01-2001
		PL 331249 A	05-07-1999
WO 9427435 A	08-12-1994	US 6207165 B	27-03-2001
WO 9427435 A	08-12-1994	EP 0702516 A	27-03-1996
		JP 9500013 T	07-01-1997
WO 9840499 A	17-09-1998	AU 1987197 A	29-09-1998
WO 9401133 A	20-01-1994	AU 4662393 A	31-01-1994
		CN 1091978 A	14-09-1994
		EP 0651656 A	10-05-1995
		JP 7504683 T	25-05-1995
		MX 9304089 A	31-01-1994
		US 5679356 A	21-10-1997
		ZA 9304890 A	14-04-1994

THIS PAGE BLANK (USPTO)